

Wydział Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Łódzkiego

Stowarzyszenie Malakologów Polskich

PROBLEMY WSPÓŁCZESNEJ MALAKOLOGII

2016



Spała, 2016

ORGANIZATORZY SEMINARIUM

**Wydział Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Łódzkiego
Stowarzyszenie Malakologów Polskich**

KOMITET ORGANIZACYJNY

**Anna Abraszewska
Maria Brzozowska
Karolina Chaniecka
Jarosław Maćkiewicz
Anna Sulikowska-Drozd**

REDAKCJA

**Tomasz K. Maltz
Tomasz Kaluski
Anna Sulikowska-Drozd**

SPONSORZY I DARCZYŃCY



Carl Zeiss Sp. z o.o., ul. Naramowicka 76, 61-622 Poznań

**Lasy Państwowe, Nadleśnictwo Spała
Zespół Parków Krajobrazowych Województwa Łódzkiego
RDOŚ w Łodzi**

WYDAWCA

Bogucki Wydawnictwo Naukowe
Górna Wilda 90
61-576 Poznań
www.bogucki.com.pl

ISBN 978-83-7986-111-8

Nakład: 100 egz.

Okładka: projekt i wykonanie: **Tomasz K. Maltz**;

zdjęcia: *Unio crassus*, Bieszczady 2015 (fot. **Anna Sulikowska-Drozd**); Dolina Pilicy
(fot. **Mariusz Koch**)



XXXII
KRAJOWE SEMINARIUM
MALAKOLOGICZNE
Spała 13-15 X 2016

SPIS TREŚCI

SPIS TREŚCI	3
STRESZCZENIA	9
Malakofauna holocenijskich osadów w dolinie potoku Glinne na południe od Łańcuta - Witold Paweł Alexandrowicz, Sylwia Skoczylas	11
Holocenijska malakofauna w profilu martwic wapiennych w Łapszach Niżnych na Podhalu - Witold Paweł Alexandrowicz, Marcin Szymanek, Eliza Rybska	12
Death on the Desertas: a minor molluscan catastrophe - Robert A.D. Cameron	15
Wstępne wyniki badań nad zarażeniem płucodysznych ślimaków z jezior konińskich przywrami digenicznymi - Przemysław Ciapka, Anna Cichy, Elżbieta Żbikowska	16
Żyworódki i larwy Digenea w jeziorze zanieczyszczonym termicznie <i>versus</i> w zbiorniku o nie zaburzonej termice wód - Anna Cichy, Przemysław Ciapka, Anna Marszewska, Elżbieta Żbikowska	17
Metody aktywnej ochrony małży w dorzeczu rzeki Białej - Adam M. Ćmiel, Katarzyna Zając, Anna M. Lipińska, Tadeusz Zając	18
Czy małż może trząść się ze strachu? Wpływ wybranych czynników biotycznych na otwieranie i zamykanie muszli przez racicznice zmienną <i>Dreissena polymorpha</i> - Anna Dzierżyńska- Białończyk, Jarosław Kobak	19
Odwieczne morze czy okresowa kałuża? Historia <i>Pseudamnicola</i> , <i>Daphniola</i> i <i>Ecrobia</i> - Andrzej Falniowski, Sebastian Hofman, Artur Osikowski, Aleksandra Rysiewska	20
Anomalie w budowie terek trzech gatunków ślimaków nagich z rodzaju <i>Arion</i> (Gastropoda: Pulmonata: Arionidae) - Magdalena Gawlak, Jan Kozłowski	22
Rozwój <i>in vitro</i> glochidiów skójki gruboskorupowej <i>Unio crassus</i> - Magdalena Gąsienica- Staszczek, Katarzyna Zając, Tadeusz Zając, Paweł Olejniczak	23
Filogeneza i specjacja ślimaków jaskiniowych z rodziny Hydrobiidae z terenów Bułgarii - Sebastian Hofman, Aleksandra Rysiewska, Artur Osikowski, Andrzej Falniowski	24
Mięczaki Jeziora Mikołajskiego (Pojezierze Mazurskie) - Beata Jakubik, Krzysztof Lewandowski	25
Zróznicowanie struktury leśnych zgrupowań ślimaków jako efekt uwarunkowań naturalnych i antropogenicznych na przykładzie grądów w Wielkopolsce - Anna Jankowiak, Rafał Bernard, Bartłomiej Gołdyn	26
Zmiany malakocenozy wzdłuż biegu nizinnej rzeki Liwiec (Polska Wschodnia) - Ewa Jurkiewicz- Karnkowska	27
Wieloletnie zmiany malakofauny w stawowym eksperymentalnym jeziorze Warniak (Pojezierze Mazurskie) - Ewa Jurkiewicz-Karnkowska, Beata Jakubik, Krzysztof Lewandowski	29

Linie filogenetyczne skójki gruboskorupowej <i>Unio crassus</i> (Philipsson, 1788) w Europie Środkowo-Wschodniej: analiza struktury drugorzędowej wybranych tRNA - Agnieszka Kaczmarczyk, Monika Mioduchowska, Katarzyna Zając, Tadeusz Zając, Jerzy Sell	31
Charakterystyka lepkiego przemieszczania się ślimaka <i>Achatina fulica</i> - Piotr Kaczorowski	32
Plastyczność fenotypowa <i>Arion vulgaris</i> Moquin Tandon, 1855 i <i>Arion rufus</i> (Linnaeus, 1758) w kontekście inwazyjności gatunków - Tomasz Kałuski, Monika Jaskulska, Michał Czyż	33
Malakocenozy Gorczańskiego parku Narodowego - Marcin Kaszuba, Ewa Stworzewicz.....	34
Racicznica zmienna: żerowisko dla bentosozżernych ryb babkowatych czy chronienie dla ich ofiar? - Jarosław Kobak, Małgorzata Poznańska, Łukasz Jermacz, Tomasz Kakareko, Daniel Prądyński, Małgorzata Łodygowska, Karolina Montowska, Karolina Bącela-Spychalska ...	36
Mięczaki w zbiornikach wodnych wybranych parków miejskich - Andrzej Kołodziejczyk, Krzysztof Lewandowski.....	38
Prospects and problems in radiocarbon dating of molluscan shells [Perspektywy i problemy datowania radiowęglowego muszli mięczaków] - Tereza Kořínková	39
Ocena podatności odmian grochu (<i>Pisum sativum</i> L.) na uszkodzenia przez <i>Arion vulgaris</i> i <i>Arion rufus</i> (Gastropoda: Arionidae) - Jan Kozłowski, Monika Jaskulska.....	40
Porównanie wielkości uszkodzeń odmian koniczyny białej (<i>Trifolium repens</i> L.) przez <i>Arion vulgaris</i> Moquin Tandon, 1855, <i>Arion rufus</i> (Linnaeus, 1758) i <i>Deroceras reticulatum</i> (O. F. Müller, 1774) - Jan Kozłowski, Monika Jaskulska, Maria Kozłowska	41
Molekularna analiza filogeograficzna <i>Discus perspectivus</i> (Megerle von Muehlfeld, 1818) - Elżbieta Kuźnik-Kowalska, Tomasz Strzała, Paweł Mackiewicz, Małgorzata Proćków, Beata M. Pokryszko.....	42
Co cechy historii życia mogą powiedzieć o strukturze i dynamice populacji zagrożonego gatunku <i>Vertigo moulinsiana</i> (Dupuy, 1849) - Anna M. Lipińska, Stanisław Myzyk, Adam M. Ćmiel, Dorota Kwaśna, Katarzyna Zając, Tadeusz Zając	43
Czym skorupka za młodu nasiąknie, czyli co o mięczakach mówią książeczki dla dzieci. Analiza malakologicznych wątków literatury dziecięco-młodzieżowej - Jarosław J. Maćkiewicz	44
Histologia, ultrastruktura i funkcja allospermiduktu u świdrzyków Baleinae różniących się strategiami rozrodu (Gastropoda: Pulmonata: Clausiliidae) - Tomasz K. Maltz, Izabela Jędrzejowska, Anna Sulikowska-Drozd.....	46
<i>Trichobilharzia</i> sp. na tle pozostałych inwazji Digenea u Lymnaeidae - Anna Marszewska, Anna Cichy, Elżbieta Żbikowska.....	47
Ślimaki lądowe Suwalskiego Parku Krajobrazowego - Magdalena Marzec.....	48
Władysław Emanuel Lubomirski (1824–1882) i jego kolekcja malakologiczna - Dominika Mierzwa-Szymkowiak, Abraham S.H. Breure	49

Niepublikowane dane o stanowiskach <i>Cepaea vindobonensis</i> (Férussac, 1821) w Polsce - Dominika Mierzwa-Szymkowiak, Jarosław J. Maćkiewicz	51
Struktura genetyczna ginącego gatunku, skójki gruboskorupowej <i>Unio crassus</i> (Philipsson, 1788), w rzekach Polski - Monika Mioduchowska, Agnieszka Kaczmarczyk, Katarzyna Zajac, Tadeusz Zajac, Jerzy Sell	52
Ślimaki jako bioindykatory zanieczyszczenia środowiska: wpływ pola elektromagnetycznego - Anna Nowakowska, Justyna Rogalska, Joanna Wyszowska	53
Wpływ historii geologicznej regionu na strukturę genetyczną i zmienność morfologiczną w populacjach ślimaków z rodzaju <i>Bythinella</i> na Bałkanach i w basenie Morza Egejskiego - Artur Osikowski, Sebastian Hofman, Aleksandra Rysiewska, Andrzej Falniowski	55
Identyfikacja nowej grupy akwaporyn (malakoakwaporyn) charakterystycznych wyłącznie dla mięczaków - Joanna R. Pieńkowska, Ewa Kosicka, Sylwia Królikowska, Hanna Kmita, Andrzej Lesicki	56
Plastyczność fenotypowa i brak barier rozrodczych między dwoma morfologicznymi formami <i>Trochulus hispidus</i> (Gastropoda: Hygromiidae) - Małgorzata Proćków, Elżbieta Kuźnik- Kowalska, Paweł Mackiewicz	57
Piżmak <i>Ondatra zibethicus</i> odkrywca obecności szczeżui chińskiej <i>Sinanodonta woodiana</i> w Wiśle w Warszawie - Jerzy Romanowski, Michał Winczek	58
Występowanie i liczebność wstężyka gajowego <i>Cepaea nemoralis</i> (L.) w krajobrazie wiejskim: istotność skali przestrzennej, aktywności człowieka i presji drapieżniczej - Zuzanna M. Rosin, Zbigniew Kwieciński, Andrzej Lesicki, Piotr Skórka, Piotr Tryjanowski	59
<i>Pontobelgrandiella</i> : niedawny imigrant czy emigrant z wód podziemnych? - Aleksandra Rysiewska	61
<i>Sinanodonta woodiana</i> z rodzimymi Unionidae w dolnym biegu Odry - Agnieszka Szlauer- Łukaszewska, Maria Urbańska, Wojciech Andrzejewski, Henryk Gierszal	62
Mięczaki z osadów Jaskini Perspektywicznej, Wyżyna Krakowsko-Częstochowska - Marcin Szymanek, Maciej T. Krajcarz, Magdalena Krajcarz, Magdalena Sudoł	63
Kogo „bardziej lubi” racicznica zmienna? - Maria Urbańska, Wojciech Andrzejewski, Henryk Gierszal	64
Obcy pośród rodzimych – czy jest to możliwe? - Maria Urbańska, Małgorzata Ożgo, Wojciech Andrzejewski, Henryk Gierszal	65
Nowe stanowisko <i>Corbicula fluminea</i> w Wiśle w Warszawie - Michał Winczek, Jerzy Romanowski	66
Zmienność genetyczna <i>Arion vulgaris</i> Moquin-Tandon, 1855 w Europie - Kamila Zajac, Dorota Lachowska-Cierlik, Anna Filipiak, Bjørn A. Hatteland, Barbara Feldmeyer, Markus Pfenninger	67

Characterization of <i>Aeromonas hydrophila</i> isolated from diseased European brown snail <i>Cornu aspersa</i> - Jerzy Ziętek, Leszek Guz, Agata Ziętek	68
Wpływ stosowania oprysku 0,25% roztworem lambda-cyhalotryny (preparat handlowy Karate Zeon 050 CS) na stan zdrowia i wybrane parametry ślimaków <i>Cornu aspersum</i> Müller - Jerzy Ziętek, Leszek Guz, Agata Ziętek	69
Rola słodkowodnych ślimaków w transmisji pasożytów - Elżbieta Żbikowska	70
WYKAZ POSTERÓW	71
UCZESTNICZY	75
INDEKS	81



XXXII
KRAJOWE SEMINARIUM
MALAKOLOGICZNE
Spała 13-15 X 2016

STRESZCZENIA

MALAKOFAUNA HOLOCENSKICH OSADÓW W DOLINIE POTOKU GLINNE NA POŁUDNIE OD ŁAŃCUTA

WITOLD PAWEŁ ALEXANDROWICZ, SYLWIA SKOCZYŁAS

Katedra Geologii Ogólnej i Geoturystyki, Wydział Geologii, Geofizyki i Ochrony Środowiska,
Akademia Górniczo-Hutnicza, Kraków

Potok Glinne jest jednym z wielu cieków rozcinających Pogórze Karpackie na południe od Łańcuta. Dolina jest głęboko wcięta w miękkie osady wypełniające. W podłożu dominują ropy i mułki neogenu, zazwyczaj o niewielkiej zawartości węgla wapnia. Jednak w górnym biegu potok Glinne i jego niewielki prawobrzeżny dopływ przecinają ławicę wapieni mioceńskich. Dzięki temu w niższym biegu obu potoków możliwe jest powstawanie osadów o podwyższonej zawartości CaCO_3 - martwic wapiennych i mułków węglanowych. W tych osadach zachowały się liczne skorupki mięczaków, reprezentujące różne fazy rozwoju dolin. Efektem kilkuletnich badań było opracowanie 7 profili osadów, z których pobrano 70 próbek zawierających szczątki mięczaków. W celu ustalenia wieku dokonano ośmiu oznaczeń metodą c-14. Analizowana malakofauna obejmowała 76 gatunków (65 lądowych, 7 wodnych i 4 gatunki małży) reprezentowanych przez prawie 14000 okazów. Materiał ten umożliwił wydzielenie sześciu zespołów faunistycznych, różniących się składem i strukturą.

Zespół z *Vertigo genesii* - asocjacja ta charakteryzuje się dość dużą różnorodnością gatunkową. Obok taksonu indeksowego występują formy zimnolubne (*Columella columella*, *Semilimax kotulae*, *Vertigo geyeri* oraz *Vertigo modesta*). Uzupełnienie stanowią formy ceniolubne (*Discus ruderatus* i *Perforatella bidentata*) oraz ślimaki o dużej tolerancji ekologicznej (*Euconulus fulvus*, *Cochlicopa lubrica*). Omawiany zespół reprezentuje zacienione środowisko o wilgotnym, a nawet podmokłym podłożu i zimny, kontynentalny klimat.

Zespół z *Discus ruderatus* – bogata i zróżnicowana malakocenoza o dużym udziale gatunków ceniolubnych, szczególnie *Discus ruderatus* i *Perforatella bidentata*. Pojawiają się także gatunki mezofilne: *Nesovitrea hammonis*, *Punctum pygmaeum*. Przedstawiony powyżej zespół jest typowy dla faz ekspansji lasów iglastych. Reprezentuje on chłodny klimat o cechach kontynentalnych i silnie zacienione, wilgotne siedliska.

Zespół z *Perforatella bidentata* – malakocenoza ta cechuje się licznym występowaniem gatunku nominalnego, któremu towarzyszą gatunki ceniolubne, zarówno preferujące chłodny klimat (*Discus ruderatus*), jak i formy o wyraźnie wyższych wymaganiach ekologicznych: *Aegopinella minor*, *Aegopinella pura*. Uzupełnieniem są formy mezofile. Istotną rolę ogrywają ślimaki wilgociolubne. Pospolitym składnikiem są także formy wodne, szczególnie gatunki odporne na wysychanie. Omawiana malakofauna reprezentuje zacienione i bardzo wilgotne siedliska. Znaczny udział taksonu nominalnego wskazuje na silny rozwój olszyn.

Zespół z *Discus perspectivus* to bardzo bogata i zróżnicowana malakocenoza, której charakterystyczną cechą jest dominacja gatunków ceniolubnych oraz liczne występowanie form o wysokich wymaganiach ekologicznych. Uzupełnieniem zespołu są taksony mezofile oraz znacznie rzadsze formy wilgociolubne. Prezentowana asocjacja charakteryzuje fazę ekspansji lasów o znacznym udziale drzew liściastych oraz ciepły, stosunkowo wilgotny klimat o znaczących wpływach oceanicznych.

Zespól z gatunkami wodnymi – malakocenoza ta charakteryzuje się licznym występowaniem ślimaków wodnych, szczególnie form typowych dla małych, okresowych zbiorników: *Galba truncatula*. Towarzyszą im ślimaki lądowe preferujące wilgotne i podmokłe siedliska bardziej otwarte: *Vertigo antivertigo* lub bardziej zacienione: *Perforatella bidentata*. Udział innych grup ekologicznych jest wyraźnie mniejszy. Omawiany zespól reprezentuje okresowo zalewane płaskie dno doliny, w znacznej części porośnięte olszyną.

HOLOCENŃSKA MALAKOFAUNA W PROFILU MARTWIC WAPIENNYCH W ŁAPSZACH NIŻNYCH NA PODHALU

WITOLD PAWEŁ ALEXANDROWICZ¹, MARCIN SZYMANEK², ELIZA
RYBSKA³

¹Katedra Geologii Ogólnej i Geoturystyki, Wydział Geologii, Geofizyki i Ochrony
Środowiska, Akademia Górniczo-Hutnicza, Kraków

²Wydział Geologii, Uniwersytet Warszawski, Warszawa

³Wydziałowa Pracownia Dydaktyki i Ochrony Przyrody, Wydział Biologii, Uniwersytet
Adama Mickiewicza, Poznań

Podhale jest kotliną śródgórską, od południa ograniczoną przez masyw Tatrzański, a od północy przez pasmo Beskidów. Duża zawartość węglanów w skałach podłoża sprzyja tworzeniu się martwic wapiennych, często zawierających szczątki mięczaków. Stanowisko w Łapszach Niżnych jest położone w dolinie potoku Łapszanka pomiędzy wsiami Niedzica i Łapsze Niżne. Osady zawierające skorupki mięczaków (martwice i torfy) tworzą stożek o długości około 100 m i szerokości do 50 m. Budowa wewnętrzna stożka została rozpoznana w kilku wkopach. Z odsłonięć pobrano próbki dla potrzeb analiz malakologicznych i oznaczeń wieku metodą radiowęglą. Podstawą analizy malakologicznej było 25 próbek. Dokonano także 7 oznaczeń wieku metodą c-14. Analizowany materiał skorupowy obejmował 42 taksony ślimaków reprezentowanych przez prawie 11000 okazów. Malakofauna rozpoznana w Łapszach Niżnych cechuje się stosunkowo niewielką różnorodnością gatunkową. W niższej części profilu pojawiają się głównie formy charakterystyczne dla stosunkowo zimnego, kontynentalnego klimatu: *Discus ruderratus* i *Perforatella bidentata*, którym towarzyszy reliktowy gatunek – *Semilimax kotulae*. W wyższej części profilu jedynym liczniej występującym gatunkiem cieniulubnym jest *Vitrea crystallina*. Ślimaki środowisk otwartych są reprezentowane przez 4 gatunki, wśród których większe liczebności osiąga tylko *Vallonia pulchella*. Taksony mezofilne, szczególnie *Vertigo substriata*, *Euconulus fulvus*, *Punctum pygmaeum* i *Perpolita hammonis*, są pospolite. Na uwagę zasługuje obecność reliktovej formy *Columella columella*. Ślimaki środowisk wilgotnych to głównie *Vertigo antivertigo*, *Succinea putris* i *Carychium minimum*. Na uwagę zasługuje obecność tundrowej, zimnolubnej formy – *Vertigo genesii*. Mięczaki wodne tylko w najwyższej wkladce martwic wapiennych są liczne. Charakterystyczna jest obecność *Bythillella austriaca*. Na podstawie przeprowadzonej

analizy taksonomicznej możliwe było wydzielenie i zdefiniowanie czterech zespołów faunistycznych.

Zespół z *Vertigo substriata* – obok gatunku nominalnego pojawiają się formy o dużej tolerancji ekologicznej: *Perpolita hammonis*, *Punctum pygmaeum* i *Euconulus fulvus*. Często obecne są także *Discus ruderatus* i *Perforatella bidentata*. Pojawiają się też skorupki form zimnolubnych (*Semilimax kotulae*, *Vertigo genesii* i *Columella columella*). Zespół z *Vertigo substriata* jest wskaźnikiem nieco zacienionych biotopów o znacznej wilgotności oraz chłodnego klimatu o cechach kontynentalnych i odpowiada fazie borealnej i starszej części fazy atlantyckiej (daty c-14: 8820±120 lat BP i 8150±110 lat BP).

Zespół z *Vitrea crystallina* jest to malakocenoza, w której istotną rolę odgrywa *Vitrea crystallina*. Uzupełnienie stanowią ślimaki mezofilne (*Perpolita hammonis*, *Cochlicopa lubrica*). Omawiana fauna reprezentuje zacienione siedliska z płatami lasów lub krzewów, wilgotne podłoże i odpowiada fazie subborealnej (daty c-14: 3850±100 lat BP i 3300±100 lat BP).

Zespół z *Vertigo antivertigo* jest to fauna cechująca się znacznym udziałem form wilgociolubnych preferujących otwarte siedliska: *Vertigo antivertigo*, *Carychium minimum*, *Succinea putris*. Licznie pojawiają się ślimaki mezofilne: *Cochlicopa lubrica*, *Perpolita hammonis*. Zespół ten jest typowy dla otwartych siedlisk o dużej wilgotności rozwijających się w starszej części fazy subatlantyckiej (daty c-14: 1880±70 lat BP, 1570±100 lat BP i 1080±70 lat BP).

Zespół z *Bytinella austriaca* – charakterystyczna jest dominacja taksonu nominalnego. Jest to typowa malakocenoza dla martwic wapiennych związanych z okresem historycznym.

Obserwowane na stanowisku Łapsze Niżne zróżnicowanie zespołów malakofauny oraz ich następstwo w profilach pionowych pozwalają na rekonstrukcję warunków środowiska panujących w czasie gromadzenia się osadów. Spąg sekwencji reprezentują torfy i niższa warstwa martwic wapiennych, gdzie występuje zespół z *Vertigo substriata* odpowiadający fazie borealnej i starszej części fazy atlantyckiej. Reprezentuje on lekko zacienione siedliska o znacznej wilgotności i stosunkowo chłodny, kontynentalny klimat. W stropowym interwale martwic wapiennych zaznaczają się ślady erozji. Na rozwój procesów erozyjnych wskazuje także obserwowana powyżej martwic wkładka pisku. Leżące powyżej niej torfy zawierają odmienną malakofaunę, gdzie występuje zespół z *Vitrea crystallina* zasiedlający bardziej zacienione i nieco suchsze siedliska. Reprezentuje on fazę subborealną. Obecna w wyższej warstwie torfów wkładka piasków znaczy drugą fazę erozji. Rozdziela ona je na opisaną powyżej część niższą i część wyższą zawierającą zespół z *Vertigo antivertigo*. W tym interwale zaznacza się wyraźny wzrost wilgotności biotopów połączony z zanikiem siedlisk zacienionych, a wyniki analiz c-14 wskazują, że omawiane torfy tworzyły się w starszej części fazy subatlantyckiej. W proksymalnej części stożka torfy są przykryte przez kolejną wkładkę piasków. Znaczy ona trzeci etap zatrzymania sedymentacji obejmujący prawdopodobnie okres kilkuset lat. Leżące powyżej martwice wapienne zawierające zespół z *Bithynella austriaca* reprezentują ostatnie kilkaset lat. Na stanowisku w Łapszach Niżnych na regionalny trend zmian środowiska, generowany w głównej mierze fluktuacjami klimatu, nałożyły się czynniki lokalne, wprowadzając istotne modyfikacje. Te ostatnie są główną przyczyną istotnych różnic w stosunku do następstw obserwowanych w innych profilach martwic podhalańskich. Obserwacje te wskazują, że obszar Podhala zarówno dziś jak i dawniej stanowił w istocie mozaikę mikrosiedlisk o zróżnicowanych cechach zasiedlanych przez

różne zespoły fauny i flory. Prawidłowość ta jest dziś obserwowana we wszystkich, bez wyjątku, obszarach geograficznych i niewątpliwie występowała w przeszłości.

DEATH ON THE DESERTAS: A MINOR MOLLUSCAN CATASTROPHE

ROBERT A.D. CAMERON

Department of Animal and Plant Sciences, University of Sheffield, Sheffield, UK

The three Deserta Islands (Chão, Deserta Grande and Bugio) are a part of the Madeiran Archipelago. At the present time, they have an aggregate area of about 13 km², and the highest point is *ca.* 470 m a.s.l. They are naturally semi-arid, but they are now much more sparsely vegetated than in the past as a result of grazing by introduced rabbits (now exterminated) and goats. There has been massive soil erosion. The terrain is very rugged, and many areas are inaccessible to all but the most intrepid and skilled workers. The modern snail fauna consists mainly of species endemic either to one or more of the Desertas themselves or to the Archipelago as a whole. With more recent work and some environmental recovery the number of species known living has slowly increased, including some known only as fossils or not seen since the 19th century.

Until recently the only evidence of earlier faunas came from undated fossil records from deposits at the summit of Bugio made in the middle of the 19th century. These contained a few species now thought to be extinct. Now we have much more material both from the summit of Bugio and from numerous deposits scattered across Deserta Grande. While these samples have not yet been fully analysed, we know that some of the deposits contain shells dated to between 8 and 45+ kya (with consistent results at each site, although these are colluvial deposits).

Although there are some unresolved taxonomic problems, there are 43 species-level taxa in the deposits. The individual site faunas are much richer than those found today, with up to 26 species found at a site. At least 20 of these species are now extinct on the Desertas; 10 of these are new species to be described, including some giant forms and four species of the tiny *Leiostylia*. Allowing for some uncertainties, it looks as though around half the species in these deposits are now extinct. This is a much higher rate of extinction than found earlier on Madeira itself or on Porto Santo. Many species have affinities with others typical of much more forested habitats on Madeira itself. While we may not be able to draw definite conclusions, it looks probable that the drastic reduction in the richness of the fauna may owe more to changes in the size and topography of the islands in the very late Pleistocene and Holocene than to the effects of human use, though the latter has certainly had a major impact, at least on the density and continuity of snail populations.

Apart from taxonomic work and the analysis of faunal change, consideration of changes in isotope ratios may give indications of changing climate.

This programme is a team effort: Klaus Groh, Beata Pokryszko, Isamberto Silva, Dinarte Teixeira, Yurenes Yanes and me.

**WSTĘPNE WYNIKI BADAŃ NAD ZARAŻENIEM
PŁUCODYSZNYCH ŚLIMAKÓW Z JEZIOR KONIŃSKICH
PRZYWRAMI DIGENICZNYMI**

PRZEMYSŁAW CIAPKA, ANNA CICHY, ELŻBIETA ŻBIKOWSKA

Zakład Zoologii Bezkręgowców, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet
Mikołaja Kopernika, Toruń

Jeziora konińskie to zanieczyszczone termicznie zbiorniki, do których odprowadzane są wody pochłonicze z elektrowni Pątnów i Konin. Temperatura wody nigdy nie spada tu poniżej 7°C, a w porze letniej osiąga ponad 30°C. Zmiana warunków termicznych w jeziorach w istotny sposób wpływa na różnorodność gatunkową organizmów wolnożyjących i pasożytniczych, jak również na zachodzące między nimi interakcje.

Celem badań było określenie różnorodności gatunkowej przywr digenicznych u płucodysznych ślimaków z rodzin Lymnaeidae i Planorbidae odławianych z jezior Systemu Konińskiego, jak również ocena stopnia zarażenia żywicielskich Gastropoda.

Badania malakologiczno-parazytologiczne prowadzono w okresie od maja do sierpnia 2015 oraz od czerwca do sierpnia 2016 w najcieplejszych jeziorach Systemu Konińskiego – Pątnowskim, Gosławskim i Licheńskim. Ogółem zebrano 1051 płucodysznych ślimaków reprezentujących 7 gatunków – *Lymnaea stagnalis*, *Radix* spp., *Stagnicola palustris*, *Planorbarius corneus*, *Menetus dilatatus*, *Anisus vortex* i *Gyraulus albus*. Przebadane mięczaki były zarażone 13 gatunkami przywr digenicznych. Bogactwo gatunkowe Digenea u błotniarkowatych (13 gatunków) było dwukrotnie wyższe w porównaniu do liczby zanotowanych gatunków przywr u ślimaków zatoczkowatych (6 gatunków). Podobnie, poszczególne gatunki błotniarek były silniej zarażone przywrami (*L. stagnalis* – 39,3%; *Radix* spp. – 33,5%; *S. palustris* – 38,0%) niż przedstawiciele Planorbidae (*P. corneus* – 13,2%; *G. albus* – 10,5%; *A. vortex* – 3,3%). Najniższy stopień zarażenia zanotowano w przypadku obcego w krajowej malakofaunie gatunku *M. dilatatus* – 1,8%.

Wstępne wyniki badań wskazują, że bogactwo gatunkowe przywr digenicznych u płucodysznych przedstawicieli Lymnaeidae i Planorbidae z Systemu Jezior Konińskich jest stosunkowo niskie. Może to wynikać zarówno z dostępności miracydiów uwalnianych z jaj przywr przez żywicieli ostatecznych (głównie ptactwa), jak również z mniejszej przeżywalności tych stadiów rozwojowych w warunkach podwyższonej temperatury.

**ŻYWORÓDKI I LARWY DIGENEA W JEZIORZE
ZANIECZYSZCZONYM TERMICZNIE *VERSUS* W ZBIORNIKU
O NIE ZABURZONEJ TERMICE WÓD**

ANNA CICHY, PRZEMYSŁAW CIAPKA, ANNA MARSZEWSKA,
ELŻBIETA ŻBIKOWSKA

Zakład Zoologii Bezkręgowców, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet
Mikołaja Kopernika, Toruń

Temperatura jest jednym z kluczowych czynników wpływających na fizykochemiczną i biologiczną charakterystykę jezior. Nadmierny wzrost lub spadek temperatury wody, wykraczający poza granice typowych sezonowych zmian, jest definiowany jako "zanieczyszczenie termiczne". Wpływa ono bezpośrednio na biologię organizmów wolnożyjących, jak i pośrednio na losy żyjących w nich symbiontów – w tym pasożytów. Skrzelodyszne ślimaki, jako żywicieli przywr digenicznych, stanowią wciąż margines w badaniach parazytologicznych, co może mieć związek nie tylko z ich trudniejszym w porównaniu do płucodysznych odławianiem, ale także z faktem mniejszego znaczenia medycznego rozwijających się w nich pasożytów.

Celem badań było porównanie charakterystyki układu żywicieli – pasożyt w dwóch jeziorach zróżnicowanych pod względem termicznym, na przykładzie związku żyworodek z przywrami digenicznymi.

Żyworódki (*Viviparus contectus*) były odławiane w okresie od maja do września 2015 roku z zanieczyszczonego termicznie Jeziora Licheńskiego oraz z Jeziora Szymbarskiego, charakteryzującego się nie zaburzoną termiką. Ogółem zebrano 480 osobników *V. contectus*, u których zanotowano obecność 6 gatunków przywr digenicznych. Bogactwo gatunkowe Digenea u mięczaków było dwukrotnie wyższe w Jeziorze Szymbarskim w porównaniu do zanieczyszczonego termicznie Jeziora Licheńskiego. Stopień zarażenia ślimaków przywrami był istotnie wyższy ($\chi^2=482,71$; $df=1$, $P=0,001$) w jeziorze o nie zaburzonej termice (31,3%), w porównaniu do jeziora zanieczyszczonego termicznie (7,3%). Żyworódki z Jeziora Licheńskiego charakteryzowały się większymi wymiarami muszli i wyższą masą (Mann-Whitney U-test, $P<0,001$) od osobników odławianych z Jeziora Szymbarskiego. Samice *V. contectus* z jeziora o podwyższonej termice wód cechowały się wyższą płodnością (Mann-Whitney U-test, $P<0,001$) w porównaniu do samic z jeziora Szymbarskiego.

Można przypuszczać, że zaobserwowane różnice dotyczące biologii żywiciela są konsekwencją wcześniej zaczynającego się i dłuższego okresu aktywnej wegetacji. Natomiast niższe zarażenie żyworodek z Jeziora Licheńskiego może wynikać z szybszego, w warunkach podwyższonej temperatury, wyczerpywania rezerw energetycznych przez miracydia poszukujące ślimaków, jak i mniejszej przeżywalności zarażonych osobników. Zaplanowane w najbliższym czasie badania eksperymentalne pozwolą ocenić przeżywalność żyworodek zarażonych przywrami i nie zarażonych pasożytami w różnych warunkach termicznych.

Badania finansowane z Grantu Indywidualnego WBiOŚ 2237-B/2015 (kierownik A. Cichy)

METODY AKTYWNEJ OCHRONY MAŁŻY W DORZECZU RZEKI BIAŁEJ

ADAM M. ĆMIEL, KATARZYNA ZAJĄC, ANNA M. LIPIŃSKA,
TADEUSZ ZAJĄC

Instytut Ochrony Przyrody, Polska Akademia Nauk, Kraków

Małże słodkowodne to najszybciej ginąca grupa zwierząt na Ziemi, a spośród gatunków mięczaków uznanych za globalnie zagrożone, skójkowate (*Unionidae*) to naliczniejsza pod względem zagrożonych gatunków rodzina mięczaków. Małże nie tylko stanowią ważny element ekosystemów wodnych poprzez pełnienie w nich ważnych funkcji i usług (*ecosystem services*), niektóre gatunki spełniają także kryteria gatunków wskaźnikowych, flagowych i parasolowych, co czyni z nich doskonałą grupę docelową w ochronie ekosystemów wodnych. Gatunki takie jak *Magraritifera margaritifera* oraz *Unio crassus* są obiektem wielu europejskich projektów aktywnej ochrony, których całkowity koszt przekracza 60 mln euro. Inwestowanie tak dużych kwot wymaga wypracowania najlepszych praktyk, które gwarantowałyby sukces tych programów. Jednak biorąc pod uwagę złożony cykl życiowy małży *Unionidae*, problem wypracowania najlepszych praktyk wywołał burzliwą dyskusję na temat podstaw aktywnej ochrony. Czy aktywna ochrona powinna opierać się głównie na wprowadzaniu młodych osobników hodowanych w niewoli, czy poprzez zarybianie rzek wcześniej zarażonymi rybami? Jakiego gatunku ryb najlepiej nadają się do hodowli młodych małży? Problemy te napotkano w trakcie prac w ramach projektu "Przywrócenie drożności korytarza ekologicznego doliny rzeki Biała Tarnowska" (POIS-05.02.00-00-084/08), którego jednym z celów było przywrócenie integralności zasięgu populacji małży w dorzeczu rzeki Białej.

Przedstawiamy wyniki hodowli *ex situ*, w trakcie której eksperymentalnie badano stopień zarażenia się glochidiami *U. crassus* trzech potencjalnych gatunków ryb żywielskich: świnki (*Chondrostoma nasus*), brzany (*Barbus barbus*) i klenia (*Squalius cephalus*). Wykazano, że wszystkie wyżej wymienione gatunki ryb zarażyły się glochidiami, jednak różnice w stopniu zarażenia są statystycznie istotne. Stwierdzono, że liczba glochidiów przyczepionych do poszczególnych płetw zależy od gatunku ryby żywielskiej, rodzaju płetwy oraz interakcji między tymi czynnikami. Znalaziono również zależność pomiędzy długością ciała żywiciela a liczbą przyczepionych do niego glochidiów. Wykazano, że przy planowaniu aktywnej ochrony małży należy odpowiednio dobrać zarówno gatunek jak wielkość ryb żywielskich, a otrzymane wyniki mogą przyczynić się do wypracowania najlepszych praktyk ochrony małży.

**CZY MAŁŻ MOŻE TRZAŚĆ SIĘ ZE STRACHU? WPŁYW
WYBRANYCH CZYNNIKÓW BIOTYCZNYCH NA
OTWIERANIE I ZAMYKANIE MUSZLI PRZEZ RACICZNICĘ
ZMIENNĄ *DREISSENA POLYMORPHA***

ANNA DZIERŻYŃSKA-BIAŁOŃCZYK, JAROSŁAW KOBAK

Zakład Zoologii Bezkręgowców, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Toruń

Racicznica zmienna *Dreissena polymorpha* (Pallas, 1771) jest zaliczana do najbardziej inwazyjnych gatunków na świecie. Ten słodkowodny osiadły małż wykazuje szeroki zakres tolerancji na różne czynniki środowiskowe, co w dużym stopniu przyczynia się do jego skutecznego rozprzestrzeniania. Do tej pory przeprowadzono wiele badań poświęconych biologii, ekologii i behawiorowi tego gatunku jednakże tylko nieliczne dotyczą otwierania i zamykania muszli, które mogą być swoistym obrazem reakcji na czynniki zewnętrzne.

Celem naszych badań było sprawdzenie wpływu biotycznych czynników środowiskowych tj. kairomonów płoci *Rutilus rutilus* oraz substancji alarmowej wydzielanej przez uszkodzone osobniki na ruchy muszli *D. polymorpha*. Oba te czynniki związane są z żerowaniem płoci na kolonii racicznicy i przypuszczalnie powinny indukować reakcje stresowane u testowanego małża (np. skrócenie czasu spędzonego w otwarciu).

Badania laboratoryjne przeprowadziliśmy na małżach odłowionych ze Zbiornika Włocławskiego i aklimowanych do sztucznych warunków przez co najmniej tydzień. Dobę przed eksperymentem osobniki testowe były mocowane na szkiełkach podstawowych, a ruchoma strona muszli znakowana lekką barwną masą plastyczną, na potrzeby mierzenia zmian odległości między połówkami muszli. Dwugodzinne eksperymenty, z osobnikami wystawionymi na działanie czynników, były nagrywane wysokiej jakości kamerą, a następnie analizowane przy pomocy specjalistycznego oprogramowania służącego m.in. do śledzenia behawioru zwierząt (EthoVision®XT).

Ostateczne wyniki można podsumować następująco:

1) nie zaobserwowaliśmy specyficznych zmian w otwieraniu i zamykaniu muszli u osobników testowych, wystawionych na działanie zapachu płoci; 2) racicznica silnie reagowała na obecność substancji alarmowej (skrócony całkowity czas spędzony w otwarciu, stosunkowo długi czas spędzony w minimalnym rozwarciu - do 20% amplitudy całkowitego rozwarcia); 3) reakcje obronne *D. polymorpha* przed drapieżnikiem wydają się aktywowane tylko przy bezpośrednim zagrożeniu (żerowanie płoci), czego objawem jest pojawienie się w środowisku substancji alarmowej.

**ODWIECZNE MORZE CZY OKRESOWA KAŁUŻA? HISTORIA
*PSEUDAMNICOLA, DAPHNIOLA I ECROBIA***

ANDRZEJ FALNIOWSKI¹, SEBASTIAN HOFMAN², ARTUR OSIKOWSKI³,
ALEKSANDRA RYSIEWSKA¹

¹Zakład Malakologii, Instytut Zoologii, Uniwersytet Jagielloński, Kraków

²Zakład Anatomii Porównawczej, Instytut Zoologii, Uniwersytet Jagielloński, Kraków

³Zakład Anatomii Zwierząt, Instytut Nauk Weterynaryjnych, Uniwersytet Rolniczy im.
H. Kołłątaja, Kraków

Genetyka molekularna dostarcza danych o strukturze genetycznej (meta)populacji, ukształtowanej przez historię ewolucji badanych organizmów. Oczywiście szereg czynników kształtuje tę strukturę, toteż zazwyczaj nie jest łatwo o jednoznaczne wnioski, jednak wiele hipotez dotyczących przeszłości udaje się dostatecznie uzasadnić. Kluczowe jest wykorzystanie zegara molekularnego, choć tyka on z różną prędkością i wymaga ostrożnej interpretacji. Wyspy Morza Egejskiego, rozsiane na dużym obszarze i bardzo różnorodnym swoim charakterem, wydają się doskonałym naturalnym laboratorium ewolucji izolowanych populacji, których ewolucyjnie efektywne liczebności są niewielkie, co przyspiesza procesy ewolucyjne. Tematem przedstawianych badań są ślimaki słodkowodne, a także brachiczne, reprezentujące nadrodzinę Truncatelloidea. Zważywszy, że te słodkowodne zamieszkują wyłączne źródła, również – przynajmniej w teorii izolowane – mamy tu do czynienia niejako z „wyspami na wyspach”, co czyni obraz potencjalnie jeszcze ciekawszym.

Choć współczesne Morze Śródziemne początkami swymi sięga mezozoicznej Tetydy, to jego istnienie jako przestrzenie ciągłego zbiornika słonej wody bynajmniej nie miało miejsca. Wypiętrzenie płyt kontynentalnych w rejonie dzisiejszej Cieśniny Gibraltarskiej około 6 mln lat temu odcięło basen od Atlantyku, morze wyschło, przekształcone w pustynię ze zbiornikami wody za słodkiej lub zbyt słonej – był to tzw. Messyński Kryzys Zasolenia. Ponowne otwarcie cieśniny, kończąca miocen tzw. powódź plioceńska (5,33 mln lat) przywróciła morze. Fragmentacja siedlisk w czasie kryzysu zaznaczyła się w zróżnicowaniu pomiędzy *Daphniola exigua* i *D. lousi*, a także *Bythinella turca* i *Bythinella chia* (z wyspy Chios) oddzieliły się od *Bythinella* z Grecji w tym czasie.

W późniejszym okresie wschodnią część Morza Śródziemnego cechował wulkanizm, ruchy górotwórcze, inne następstwa tektoniki zachodzących na siebie płyt i wahania poziomu morza, geomorfologia podlegała więc ciągłym zmianom. Zwłaszcza kolejne zlodowacenia powodowały okresowe obniżenie poziomu morza o 130 metrów i więcej – tak więc niejednokrotnie w miejscu Morza Egejskiego był suchy ląd. Współczesne rozmieszczenie morza i lądu na obszarze egejskim liczy nie więcej jak 6-8 tysięcy lat. Następnym następstwem niestabilności warunków jest ubóstwo jakościowe Truncatelloidea na wyspach – znaleziono tam zaledwie parę gatunków. Zarazem badania genetyczne jednoznacznie dowodzą, że historia zróżnicowania między wyspami jest niespodziewanie krótka. Estymaty czasu dywergencji dla *Pseudamnicola* sięgają zaledwie czterech milionów lat, a dla kładów z Eubei, Andros, Tinos i Naxos nie przekraczają miliona lat. Zapewne odzwierciedla to niedawne połączenie tych wysp.

Nie można oczywiście wykluczyć pasywnego transportu, głównie przez ptaki, jednak warto nadmienić, że Truncelloidea (z wyjątkiem jednego, już nieistniejącego stanowiska *Pseudamnicola*) zupełnie brak na Cyprze, a wyspa ta nigdy nie była połączona ze stałym lądem. *Daphniola* ma historię dłuższą – sięgającą Messyńskiego Kryzysu, ale dotyczy to zróżnicowania pomiędzy kontynentalnymi gatunkami; znów obserwujemy bliskość taksonów z Attyki i wysp bliskich Azji Mniejszej.

Podobnie – lub nawet bardziej – burzliwe były dzieje Morza Czarnego. Stanowiąc fragment Tetydy, później Paratetydy, tworząc zbiornik Ponto-Kaspijski, ulegający fragmentacji i uzyskujący lub tracący łączność z Morzem Śródziemnym, ulegając skrajnemu wysłodzeniu, a następnie zalaniu wodami morskimi po otwarciu Bosforu. *Ecrobia maritima*, element zapewne pontyjski, lecz sięgający Morza Egejskiego, zamieszkuje litoral Morza Czarnego. Estymat czasu dywergencji od *Ecrobia ventrosa*, występującej od Morza Śródziemnego po Bałtyk, to $3,30 \pm 0,23$ milionów lat – odpowiada to późnemu piacentowi, gdy Morze Czarne łączyło się z Kaspijskim, lecz nie Śródziemnym. W jeziorze Primorie (Bułgaria), oddzielonym wąską mierzeją od morza, występuje populacja, która genetycznie bardzo różni się od pozostałych czarnomorskich, wliczając w to populację z pobliskiego Burgas. Szacunkowy czas dywergencji pomiędzy nią a pozostałymi czarnomorskimi *E. maritima* to $1,00 \pm 0,11$ miliona lat. Oczywiście izolacja nie mogła mieć miejsca w tym raczej młodym zbiorniku, który stanowić musi jedynie refugium dla tej populacji. Czas dywergencji odpowiada lokalnemu Kalabryjskiemu Kryzysowi Zasolenia.

**ANOMALIE W BUDOWIE TAREK TRZECH GATUNKÓW
ŚLIMAKÓW NAGICH Z RODZAJU *ARION* (GASTROPODA:
PULMONATA: ARIONIDAE)**

MAGDALENA GAWLAK¹, JAN KOZŁOWSKI²

¹Centrum Badań Organizmów Kwarantannowych, Inwazyjnych i Genetycznie Zmodyfikowanych, Instytut Ochrony Roślin, Państwowy Instytut Badawczy, Poznań

²Zakład Zoologii, Instytut Ochrony Roślin, Państwowy Instytut Badawczy, Poznań

Tarka (radula) jest organem charakterystycznym dla wszystkich grup ślimaków. Jest ona częścią aparatu służącego do pobierania pokarmu. Tarka zbudowana jest z elastycznej błony (membrany), na której osadzone są zęby (płytki) ułożone w poprzeczne i podłużne rzędy. W trakcie życia ślimaka zęby zużywają się i w sposób ciągły zastępowane są nowymi, które przyrastają kolejnymi rzędami poprzecznymi. Tarka tworzona jest w tzw. pochewce tarki, która znajduje się w tylnej części gardzieli. W pochewce można wyróżnić trzy funkcjonalnie odmienne typy komórek: membranoblasty, odontoblasty i komórki podstawne płytek (*basal plate cell*). Membranoblasty produkują błonę tarki nieprzerwanie, podczas gdy odontoblasty, które tworzą zawiązki zębów, i komórki podstawne płytek, które odpowiadają za połączenie płytek z membraną i utrzymanie regularnych odległości między płytkami w rzędach, uaktywniają się w pewnych odstępach czasu. Powstające niekiedy zaburzenia, w grupach komórek formujących zarówno zęby jak i odpowiedzialnych za ich zespolenie z tarką, mogą skutkować różnymi anomaliami w budowie raduli. Anomalie takie widoczne są zawsze na całej długości tarki, w jednym lub nawet kilku szeregach podłużnych tworzonych przez zęby, ponieważ błąd ten jest powtarzany przez całe życie osobnika.

W trakcie badań nad trzema ślimakami nagimi z rodzaju *Arion*: *Arion lusitanicus* (ślinik luzytański), *A. vulgaris* (ślinik pospolity) oraz *A. rufus* (ślinik wielki) udokumentowano przy pomocy skaningowego mikroskopu elektronowego szereg anomalii w budowie terek obejmujących zarówno różnego rodzaju zniekształcenia i wady samych płytek, jak i zaburzenia odległości między rzędami zębów. Praktycznie wszystkie anomalie stwierdzone były w najbardziej zewnętrznych rzędach poprzecznych płytek. Może mieć to związek z tym, że u ślimaków płucodysznych w trakcie życia i wzrostu osobników kolejne rzędy zębów dodawane są w marginalnej części pasa poprzecznego.

**ROZWÓJ *IN VITRO* GLOCHIDIÓW SKÓJKI
GRUBOSKORUPOWEJ *UNIO CRASSUS***

MAGDALENA GAŚIENICA-STASZECZEK, KATARZYNA ZAJĄC,
TADEUSZ ZAJĄC, PAWEŁ OLEJNICZAK

Instytut Ochrony Przyrody, Polska Akademia Nauk, Kraków

Celem badań było opracowanie skutecznego protokołu prowadzenia hodowli larw *in vitro* u zagrożonej skójkii gruboskorupowej *Unio crassus*. Larwy tego gatunku przyczepiają się do skóry lub skrzelii ryb, gdzie prowadzą pasożytniczy tryb życia do momentu przeobrażenia. Warunki te można symulować *in vitro*, przy użyciu standardowych technik hodowli tankowych. Problemem jest moment przzerwania hodowli - nie wiadomo, jakie w naturze występują bodźce lub mechanizmy powodujące uwolnienie dojrzałej larwy z cysty. Założono, że uwolnienie się larwy, niezależnie od jego mechanizmu, powoduje przejście larwy do życia w czystej wodzie, zatem podobny mechanizm powinien kończyć hodowlę *in vitro* w pożywce i atmosferze CO₂. Sprawdzaliśmy właściwy moment przzerwania hodowli przez stosowanie metody kolejnych rozcieńczeń pożywki z larwami, w środowisku imitującym naturalne (czysta woda). Przeobrażone młode obserwowaliśmy po 24-27 dniach od momentu założeniu hodowli, po rozpoczęciu rozcieńczania między 13 a 17 dniem. W kulturach zakończonych zbyt wcześnie młode ginęły niezdolne do dalszego rozwoju, w kulturach przeciągniętych w czasie larwy były zabijane infekcjami.

FILOGENEZA I SPECJACJA ŚLIMAKÓW JASKINIOWYCH Z RODZINY HYDROBIIDAE Z TERENÓW BUŁGARII

SEBASTIAN HOFMAN¹, ALEKSANDRA RYSIEWSKA², ARTUR OSIKOWSKI³,
ANDRZEJ FALNIOWSKI²

¹Zakład Anatomii Porównawczej, Instytut Zoologii, Uniwersytet Jagielloński, Kraków

²Zakład Malakologii, Instytut Zoologii, Uniwersytet Jagielloński, Kraków

³Zakład Anatomii Zwierząt, Instytut Nauk Weterynaryjnych, Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja, Kraków

Organizmy żyjące w jaskiniach (trogllobionty) stanowią naturalne modele dla wielu badań ekologicznych i ewolucyjnych, pozwalając m. in. na zrozumienie procesów ewolucyjnych i czynników historycznych wpływających na biogeografię, filogenezę i specjację. Mimo licznych badań koncentrujących się na trogllobiontach, wiele szczegółów ich biologii, ewolucji czy też biogeografii nie jest do końca poznanych, głównie z powodu oczywistych problemów związanych z analizą zwierząt zaadaptowanych do życia w jaskiniach.

Obecnie istnieją dwie alternatywne hipotezy próbujące wyjaśnić mechanizmy specjacji gatunków jaskiniowych. Pierwsza hipoteza „reliktów klimatycznych” (*‘climatic relict’ hypothesis*) zakłada istnienie populacji powierzchniowej, której osobniki są zdolne do kolonizacji jaskiń. Po wymarciu osobników powierzchniowych (np. w wyniku zmian klimatycznych) powstaje kilka gatunków trogllobiontów ewoluujących w allopatrii. Druga hipoteza „zmiany adaptacyjnej” (*‘adaptive shift’ hypothesis*) zakłada parapatryczny model specjacji. Osobniki pochodzące z populacji powierzchniowych zasiedlają jaskinie, w których istnieją odmienne warunki środowiskowe. W rezultacie ewolucja gatunków jaskiniowych następuje w wyniku odmiennego doboru naturalnego dla populacji powierzchniowych i jaskiniowych, prowadząc do powstania populacji trogllobiontów.

Dla przetestowania powyższych dwóch hipotez analizowaliśmy przedstawicieli siedmiu gatunków reprezentujących pięć rodzajów ślimaków z rodziny Hydrobiidae (Truncatelloidea), pochodzących z 13 jaskiń z Bułgarii. Dla określenia filogenezy tej grupy użyliśmy czterech markerów genetycznych: mitochondrialnego fragmentu COI oraz trzech fragmentów genów jądrowych: histonu 3, 18S oraz 28S. Wszystkie markery genetyczne jednoznacznie wykazały istnienie jednej, monofiletycznej linii ślimaków jaskiniowych. W jej obrębie można było wyróżnić sześć wyraźnie odrębnych kładów, odpowiadających różnym rodzajom. Nasze dane jasno potwierdzają hipotezę „reliktów klimatycznych” dla ewolucji linii ślimaków jaskiniowych. Najprawdopodobniej klady te pochodzą od naziemnego przodka, który skolonizował jaskinie. Po wymarciu powierzchniowego przodka populacje jaskiniowe zaczęły ewoluować w allopatrii. Linia ślimaków jaskiniowych powstała około 7 – 6,75 mln lat temu, dlatego możliwe jest wymarcie powierzchniowych przodków w wyniku klimatycznych wydarzeń związanych z Kryzysem Messyńskim. Wszystkie klady (6) należące do linii ślimaków jaskiniowych powstały w przybliżeniu w tym samym czasie, co dodatkowo potwierdza wymarcie przodka w wyniku tego samego wydarzenia.

Badania finansowane ze środków na działalność statutową nr K/ZDS/005401

**MIĘCZAKI JEZIORA MIKOŁAJSKIEGO
(POJEZIERZE MAZURSKIE)**

BEATA JAKUBIK, KRZYSZTOF LEWANDOWSKI

Instytut Biologii, Uniwersytet Przyrodniczo-Humanistycznych, Siedlce

Leżące w centralnej części Krainy Wielkich Jezior Mazurskich eutroficzne Jezioro Mikołajskie od dawna jest obiektem wieloletnich, wszechstronnych badań hydrobiologicznych. Badań nad mięczakami wodnymi tego jeziora jest również stosunkowo dużo, ale dotyczą one albo czasów dość odległych (lata 50. XX w.), albo uwzględniają tylko wybrane taksony i grupy ekologiczne (np. Gastropoda, małże z rodziny Unionidae, *Dreissena polymorpha*, ślimaki naroślinne).

Całościowe badania malakofauny Jeziora Mikołajskiego prowadzono w latach 2011-2015. W ciągu pięciu lat badań stwierdzono łącznie 24 gatunki mięczaków, w tym 12 gatunków ślimaków i 12 gatunków małży. Oprócz osobników żywych znaleziono również puste muszle 8 innych gatunków. Najpospolitszymi gatunkami występującymi na większości badanych stanowisk były wśród ślimaków: *Bithynia tentaculata*, *Valvata piscinalis* oraz, zwłaszcza w latach 2014-2015, *Potamopyrgus antipodarum*, a wśród małży – *Unio tumidus* i *Dreissena polymorpha*. *P. antipodarum*, inwazyjny gatunek pochodzący z Nowej Zelandii, po raz pierwszy stwierdzony w Jeziorze Mikołajskim na przełomie lat 70. i 80. XX w., w ostatnich latach występuje w strefie o głębokości 0,5-4,0 m i zwykle osiąga zagęszczenia kilkadziesiąt-kilkaset osobników na 1 m² (maks. 860). Inny gatunek ślimaka obcego pochodzenia – *Lithoglyphus naticoides* – został znaleziony w tym jeziorze w roku 1997 na jednym stanowisku przy brzegu południowo-zachodnim i tylko w tym miejscu był notowany w latach następnych. Najnowsze badania (lata 2014-2015) wykazały jego obecność także po przeciwnej stronie jeziora, przy brzegu północno-wschodnim. *L. naticoides* notowany był w strefie o głębokości 1-4 m, a stwierdzone maksymalne zagęszczenie to 250 osobn./m². Wśród małży z rodziny Unionidae dominowała *Unio tumidus*, przy stałym niewielkim udziale *U. pictorum* i *Anodonta anatina*. Na podkreślenie zasługuje fakt znalezienia w Jeziorze Mikołajskim, po 40. latach nieobecności *A. cygnea*. Żywe małże tego gatunku stwierdzono w roku 2011 i 2015. Populacja *Dreissena polymorpha* ustabilizowała się na stosunkowo niskim poziomie zagęszczenia – kilkadziesiąt osobn./m² w strefie występowania (0,5-5,0 m głębokości), a maksymalnie – ok. 400 osobn./m² i daleko jej do zagęszczeń kilkudziesięciu, notowanych w latach 50. i 70. XX w. W niewielkich zagęszczeniach występowały w tym jeziorze małże z rodziny Sphaeriidae. Stwierdzono dwa gatunki z rodzaju *Sphaerium* i pięć gatunków z rodzaju *Pisidium*, czyli podobnie do danych literaturowych z lat 50. XX w.

Poza mięczakami żywymi analizowano także ilościowo i jakościowo zwałowiska pustych muszli gromadzące się w sublitoralu Jeziora Mikołajskiego.

**ZRÓŻNICOWANIE STRUKTURY LEŚNYCH ZGRUPOWAŃ
ŚLIMAKÓW JAKO EFEKT UWARUNKOWAŃ NATURALNYCH
I ANTROPOGENICZNYCH NA PRZYKŁADZIE GRĄDÓW W
WIELKOPOLSCE**

ANNA JANKOWIAK¹, RAFAŁ BERNARD¹, BARTŁOMIEJ GOŁDYN²

¹Wydziałowa Pracownia Dydaktyki i Ochrony Przyrody, Wydział Biologii, Uniwersytet
Adama Mickiewicza, Poznań

²Zakład Zoologii Ogólnej, Wydział Biologii, Uniwersytet Adama Mickiewicza, Poznań

Zróżnicowanie zgrupowań ślimaków lądowych badano w Wielkopolsce, w 14 grądach środkowoeuropejskich, na 25 powierzchniach – 11 z nasadzoną sosną zwyczajną i 14 bez niej. Większość spośród 42 odnotowanych gatunków to ślimaki typowe dla lasów, szeroko rozmieszczone i pospolite w Polsce. Obecność gatunków stenotopowych była ograniczona do grądów charakteryzujących się dobrym stanem zachowania. Zróżnicowanie zgrupowań ślimaków było związane z obecnością/brakiem sosny zwyczajnej, wpływającej na warunki siedliskowe. W grądach z sosną odnotowano zgrupowania ślimaków prawie w każdym przypadku uboższe gatunkowo, a liczebność osobników była w nich mniejsza. Spośród badanych czynników najistotniejszymi dla ślimaków okazały się: żyzność siedliska, stopień pokrycia runa, udział miękkolistnej dendroflory, bogatej w łatwo przyswajalne związki wapnia, zawartość wapnia w podłożu oraz odczyn podłoża.

ZMIANY MALAKOCENOZ WZDŁUŻ BIEGU NIZINNEJ RZEKI LIWIEC (POLSKA WSCHODNIA)

EWA JURKIEWICZ-KARNKOWSKA

Uniwersytet Przyrodniczo-Humanistyczny, Siedlce

Liwiec jest największym lewobrzeżnym dopływem Bugu płynącym przez niziny Południowopodlaską i Środkowomazowiecką. Górny bieg rzeki jest całkowicie uregulowany, środkowy i dolny bieg mają bardziej naturalny charakter, jednak występują jazy, a nawet mała zaporą. Jedynie przyujściowy odcinek Liwca jest naturalny. Dolina zachowała naturalny charakter i jest objęta siecią Natura 2000.

Celem pracy była analiza zmian składu, różnorodności, obfitości i stosunków dominacyjnych zespołów mięczaków wzdłuż biegu Liwca ze szczególnym uwzględnieniem naturalnych (dopływy) i antropogenicznych (ujścia wód z oczyszczalni ścieków, mała zaporą) zakłóceń ciągłości rzeki.

Próby mięczaków zebrano z 38 stanowisk: z 9 w górnym, z 8 w środkowym i 21 w dolnym biegu rzeki. Próby były pobierane późną wiosną (połowa maja – początek czerwca) w latach 2013-2015 oraz latem (lipiec – połowa września) w latach 2012-2015, przy brzegach rzeki i w głównym nurcie. Z każdego stanowiska pobierano 2-3 próby z powierzchni dna ok. 1 m².

W wyniku przeprowadzonych badań znaleziono 42 gatunki mięczaków, w tym 27 gatunków w górnym biegu Liwca, 19 w środkowym i 34 w dolnym. Odnotowano 13 gatunków wspólnych dla 3 wyróżnionych odcinków rzeki, natomiast 17 gatunków specyficznych, tj. występujących tylko w jednym odcinku. Na uwagę zasługuje występowanie w dolnym biegu Liwca *Unio crassus*. Skład zgrupowań mięczaków wykazywał pewne zmiany wzdłuż biegu rzeki. W środkowym biegu nie odnotowano 14 gatunków z górnego biegu, natomiast znaleziono 6 innych. W dolnym biegu pojawiło się 7 nowych gatunków oraz ponownie 6 gatunków z górnego biegu. Odnotowano duże fluktuacje liczby gatunków występujących na stanowiskach, 26% z nich charakteryzowało się niskimi wartościami bogactwa gatunkowego (poniżej 5 gatunków).

Średnie liczby gatunków, wartości wskaźnika Shannona (H') oraz $\exp(H')$ w górnym, środkowym i dolnym biegu rzeki nie różniły się istotnie, jedynie liczby gatunków ślimaków wykazywały znaczące różnice (najwyższa wartość w górnym biegu). Średnia liczebność mięczaków była najniższa w środkowym biegu.

Stosunki dominacyjne malakocenozy poszczególnych stanowisk różniły się znacznie, ale dały się zaobserwować pewne różnice między górnym, środkowym i dolnym biegiem rzeki. Odnotowano wysoki udział małży w liczebności mięczaków zarówno w skali całej rzeki (79%), jak i trzech wyróżnionych odcinków (79.5%, 67.1% i 82.2%). W obrębie górnego biegu Liwca trzy gatunki były pospolite ($F > 50\%$) - *Sphaerium corneum*, *Pisidium subtruncatum* i *P. nitidum*. W środkowym i dolnym biegu odnotowano po jednym gatunku, którego frekwencja przekraczała 50% - odpowiednio *B. tentaculata* i *S. corneum*.

Stosunkowo wysoka całkowita różnorodność gatunkowa (γ) mięczaków Liwca wynika głównie z dużego zróżnicowania składu gatunkowego zgrupowań mięczaków między poszczególnymi stanowiskami (różnorodność β). Wpływ zakłóceń ciągłości rzeki na zmiany w zgrupowaniach mięczaków był stosunkowo niewielki, jednak różnice

pomiędzy stanowiskami powyżej i poniżej zakłóceń były wyraźnie większe w porównaniu z różnicami pomiędzy kolejnymi stanowiskami w obrębie wolno płynących odcinków rzeki. Dotyczyły one liczby gatunków, liczebności, stosunków dominacyjnych i były bardziej wyraźne w przypadku zakłóceń antropogenicznych w porównaniu z naturalnymi.

**WIELOLETNIE ZMIANY MALAKOFAUNY W STAWOWYM
EKSPERYMENTALNYM JEZIORZE WARNIAK
(POJEZIERZE MAZURSKIE)**

EWA JURKIEWICZ-KARNKOWSKA, BEATA JAKUBIK,
KRZYSZTOF LEWANDOWSKI

Uniwersytet Przyrodniczo-Humanistyczny, Siedlce

Warniak, należący do system Wielkich Jezior Mazurskich, jest płytkim jeziorem typu stawowego, w którym litoral stanowi ponad 80% powierzchni. Jezioro to było obiektem wieloletnich eksperymentów polegających na zmianach składu i wielkości obsady ryb (od 1967 roku). Zmiany ichtiofauny wywarły silny wpływ na warunki fizyczno-chemiczne w jeziorze oraz na strukturę i funkcjonowanie ekosystemu.

Celem pracy była próba oceny zmian malakofauny jeziora Warniak po 17 latach od pierwszych badań wykonanych w 1998. Analizowano zmiany bogactwa gatunkowego, liczebności, stosunków dominacyjnych, frekwencji poszczególnych gatunków.

Mięczaki zbierano latem (koniec lipca 1998, początek sierpnia 2015) z 15 przekrojów rozmieszczonych równomiernie wokół jeziora. W 2015 pobrano również próbki wody (z 4 stanowisk) i osadów dennych (z 9 stanowisk) do analiz chemicznych. W wodzie oznaczano stężenie azotu azotanowego, amonowego i całkowitego, fosforanów i fosforu całkowitego, wapnia, magnezu, chlorków, alkaliczność i chemiczne zapotrzebowanie tlenu ($ChZT_{Mn}$). Temperaturę, pH i przewodnictwo właściwe wody zmierzono bezpośrednio w terenie. W osadach dennych oznaczano zawartość materii organicznej oraz stężenie azotu całkowitego, fosforu całkowitego, wapnia i żelaza.

W 1998 znaleziono 23 gatunki mięczaków, a 10 kolejnych zidentyfikowano jedynie na podstawie pustych muszli. W 2015 odnotowano występowanie 17 gatunków oraz znaleziono puste muszle 13 innych. Osiem gatunków obecnych w 1998 nie znaleziono w 2015, natomiast odnotowano 2 nowe. W okresie wieloletnim zaobserwowano duży wzrost udziału gatunków rzadkich (tj. występujących w jednej lub dwóch próbach) w całkowitej liczbie gatunków – z 17,4% w 1998 do 64,7% w 2015. Odnotowano również spadek liczby gatunków żywych mięczaków na stanowiskach, jednak średnie wartości w latach 1998 i 2015 nie różniły się istotnie. Żywe mięczaki w niewielkim stopniu występowały na głębokościach przekraczających 1 m, z wyjątkiem przedstawicieli Unionidae w 1998 i *Pisidium nitidum* w 2015 (jedno stanowisko). W 1998 bogactwo gatunkowe i liczebność mięczaków rozkładały się bardziej równomiernie w obrębie jeziora, natomiast w 2015 wyższe wartości obserwowano w części północnej. Podobieństwo gatunkowe (J) malakocenozy poszczególnych par stanowisk wahało się od 0 do powyżej 0,5 w obu terminach badań. Średnie wartości współczynnika Jaccarda w latach 1998 i 2015 wynosiły odpowiednio 0,238 i 0,194 i nie wykazywały statystycznie istotnej różnicy. Frekwencje występowania większości gatunków (oprócz dwóch) spadły w 2015 w porównaniu z 1998. Mimo spadku wartości %F *Anodonta cygnea* pozostała najbardziej rozpowszechnionym gatunkiem w badanym jeziorze. Wyraźnym zmianom uległy również stosunki dominacyjne. Obserwowane zmiany w malakocenozach jeziora Warniak wskazują na pogorszenie się warunków dla

mięczaków mimo mniejszej presji ryb bentosożernych i braku istotnych zmian parametrów fizyczno-chemicznych wody oraz osadów dennych. Jedną z ważnych przyczyn może być uboga makroflora. Niekorzystny pozostaje charakter osadów dennych (najczęściej gruba warstwa ciemnego mułu, a na przybrzeżnych płycznach piasek). Mimo niskiej średniej wartości liczby gatunków mięczaków przypadającej na stanowisko zarówno w 1998 jak i 2015, całkowitą liczbę gatunków w jeziorze Warniak można uznać za stosunkowo wysoką. Jest to głównie wynikiem dużej zmienności przestrzennej składu gatunkowego malakocenozy.

**LINIE FILOGENETYCZNE SKÓJKI GRUBOSKORUPOWEJ
UNIO CRASSUS (PHILIPSSON, 1788) W EUROPIE ŚRODKOWO-
WSCHODNIEJ: ANALIZA STRUKTURY DRUGORZĘDOWEJ
WYBRANYCH TRNA**

AGNIESZKA KACZMARCZYK¹, MONIKA MIODUCHOWSKA¹,
KATARZYNA ZAJĄC², TADEUSZ ZAJĄC², JERZY SELL¹

¹Katedra Genetyki, Wydział Biologii, Uniwersytet Gdański, Gdańsk

²Instytut Ochrony Przyrody Polskiej Akademii Nauk, Kraków

Zasięg występowania i rozmieszczenie populacji współcześnie żyjących w Europie roślin i zwierząt zostały ukształtowane w głównej mierze przez następujące po sobie okresy glacjałów i interglacjałów, które miały miejsce w plejstocenie. Konsekwencją zmian klimatu i obecności lodowca pokrywającego północne i centralne rejony kontynentu było wycofywanie się gatunków do południowej części Europy, w której zlokalizowane były refugia glacialne – obszary, w których panowały warunki sprzyjające przetrwaniu. Wraz z ustępowaniem lodowca z tych obszarów gatunki rozpoczynały rekolonizację kontynentu europejskiego.

Jednym z gatunków, który w okresie postglacialnym migrował z obszarów refugialnych i rekolonizował kontynent europejski, jest skójka gruboskorupowa *Unio crassus*. Jest to gatunek słodkowodnego małża, będącego istotnym ogniwem w łańcuchu pokarmowym. Jako organizm filtrujący *U. crassus* pełni ważną rolę bioindykatora stanu czystości wód. Skójka gruboskorupowa należy obecnie do najbardziej zagrożonych wyginięciem bezkręgowców wodnych na świecie i została umieszczona na Światowej Czerwonej Liście Gatunków Zagrożonych IUCN z kategorią EN (*endangered*).

Celem niniejszych badań było określenie struktury genetycznej i relacji filogeograficznych populacji *U. crassus* z obszaru Europy Środkowo-Wschodniej oraz wskazanie lokalizacji obszarów refugialnych gatunku i określenie postglacialnych dróg migracji skójki. Analizowano polimorfizm wybranych fragmentów mitochondrialnego (odcinki *Fcox1* + *nd3-tRNA-nd2* oraz *Mcox1*) i jądrowego DNA (11 loci mikrosatelitarnego DNA) w 33 populacjach. Dodatkowo, analizy poszerzono o rekonstrukcję struktur drugorzędowych pięciu cząsteczek tRNA oraz określenie dystrybucji obserwowanych grup strukturalnych w badanych populacjach *U. crassus*.

Wyniki przeprowadzonych badań ujawniły hierarchiczną strukturę badanych populacji skójki. Stwierdzono podział na dwie główne grupy, pannońsko-wschodnią oraz południowo-krymską, ponadto obserwowano strukturę niższego rzędu z grupami: południową, krymską, pannońską i wschodnią, wywodzącymi się z odrębnych refugium glacialnych. Prawdopodobne obszary refugialne zlokalizowane są w rejonie Dolnego Dunaju na Półwyspie Bałkańskim, na Półwyspie Krymskim, w Kotlinie Pannońskiej oraz dolinie Południowego Bugu. Stwierdzono pozytywną korelację pomiędzy drogami postglacialnych migracji gatunków słodkowodnych ryb, będących nosicielami larw skójek, a szlakami rekolonizacji Europy przez *U. crassus*.

CHARAKTERYSTYKA LEPKIEGO PRZEMIESZCZANIA SIĘ ŚLIMAKA *ACHATINA FULICA*

PIOTR KACZOROWSKI

Pracownia Elektrofizjologii Tkanki Nabłonkowej i Skóry, Wydział Farmaceutyczny,
Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Collegium Medicum, Bydgoszcz

Lepkie (adhezyjne) przemieszczanie to jeden ze sposobów poruszania się ślimaków lądowych. Uważa się, że przesunięcie ślimaka odbywa się poprzez serię fal skurczów mięśni, przebiegającą wzdłuż przylegającej do podłoża powierzchni stopy. Jednostka funkcjonalna, jaką jest fala skurczu, składa się z mięśni i komórek nerwowych. Tworzy się ona w przedniej części fali wraz ze skurczem mięśni, a zanika na końcu fali wraz z rozkurczem mięśni. Fala powoduje także równoczesne pofałdowanie tej części powłoki ciała (nabłonka). W obszarze fali skurczu nabłonek jest podnoszony, przesuwany ku przodowi w oderwaniu od podłoża i opuszczany. Gdy fala dojdzie do początku stopy, zwierzę przesunie się do przodu o wielkość, jaką nabłonek został sfaldowany. Poprzez funkcje skurczu i rozkurczu stopa ślimaka zostaje podzielona na strefy ruchome i stacjonarne. W tym procesie realizuje się paradoks równoczesnego przylegania i ruchu. Analiza śluzu obecnego na stopie zwierzęcia w trakcie ruchu wykazała, że lepkość śluzu w rejonie ruchomej powierzchni (fale stopy) jest mniejsza niż w przypadku stacjonarnych elementów (przestrzenie między falami), co w znacznym stopniu przyczynia się do efektywności tego ruchu.

Celem badań była charakterystyka lepkiego (adhezyjnego) przemieszczania się ślimaka. Badania wykonano na 359 ślimakach *Achatina fulica*, o masie 8-68 g i długości muszli 35-80 mm, pochodzących z hodowli prowadzonej w Pracowni. Obserwowano i rejestrowano obraz stopy ślimaka w czasie lepkiego, spontanicznego i prostoliniowego ruchu po poziomej tafli szklanej za pomocą kamery CCD DFK 41 AV02.AS (The Imagingsource, Niemcy), wyposażonej w obiektyw zmienneogniskowy CCTV 5-50 mm F/1.8 (Pentax), oraz programu do komputerowej rejestracji obrazu IC Capture.AS 2.0 (pliki AVI). Badano następujące parametry ruchu ślimaka i sfaldowania nabłonka: prędkość ślimaka, długość i szerokość stopy, stosunek długości do szerokości stopy, liczbę fal stopy, długość fali stopy (lw), długość przestrzeni między falami, stosunek powierzchni fal stopy do powierzchni całej stopy, częstotliwość fal, przesunięcie ślimaka przypadające na jedną falę stopy (shw) oraz wartość sfaldowania (shw/lw). Do określenia korelacji użyto testu Pearsona ($p < 0,05$).

Większość analizowanych parametrów wykazywała liczne korelacje liniowe, zróżnicowane co do swojej siły. Prędkość ślimaka jest silnie powiązana ($r > 0,5$, $p < 0,001$) z częstotliwością fal stopy, przesunięciem zwierzęcia przypadającym na jedną falę oraz z wartością sfaldowania. Ponadto stwierdzono, że zwiększenie długości stopy dokonuje się głównie poprzez wydłużenie przestrzeni między falami ($r > 0,5$, $p < 0,001$), a wydłużenie fali silnie koreluje ze zwiększeniem stosunku powierzchni fal do powierzchni całej stopy ($r > 0,5$, $p < 0,001$).

**PLASTYCZNOŚĆ FENOTYPOWA *ARION VULGARIS* MOQUIN
TANDON, 1855 I *ARION RUFUS* (LINNAEUS, 1758) W
KONTEKŚCIE INWAZYJNOŚCI GATUNKÓW**

TOMASZ KAŁUSKI, MONIKA JASKULSKA, MICHAŁ CZYŻ

Instytut Ochrony Roślin, Państwowy Instytut Badawczy, Poznań

Arion vulgaris, gatunek blisko spokrewniony z *A. rufus*, jest poważnym szkodnikiem wielu roślin uprawnych i ozdobnych w Europie. W ostatnich 60 latach obserwuje się jego inwazję w Europie, od Francji po Norwegię. W wielu miejscach wypiera on rodzime gatunki z rodzaju *Arion*. Ciągłe otwartym pytaniem jest, co decyduje o sukcesie tego gatunku. Prezentowane wyniki badań są próbą oceny, czy zmienność fenotypowa gatunku, objawiająca się w zmianie behawioru, może być czynnikiem umożliwiającym inwazję.

W wystąpieniu zostaną zaprezentowane wyniki badań dobowej aktywności w różnej temperaturze ślimaków *A. vulgaris* i *A. rufus* z różnych populacji w Europie. Badane populacje pochodzą ze stanowisk w różnym czasie zasiedlonych przez *A. vulgaris*, co umożliwi porównanie behawioru ślimaków w różnych stadiach inwazji.

Badania prowadzono w warunkach laboratoryjnych, w komorach klimatycznych, w temperaturach: 10, 15 i 20°C, przy 12 godzinach długości dnia. W przezroczystych plastikowych pojemnikach umieszczono po jednym ślimaku. Dno pojemników wyłożono geowłókniną oraz umieszczono na nim schronienie i liście sałaty (14 x 7 cm). Każdy pojemnik wyposażony był w kamerę podczerwieni połączoną z rejestratorem obrazu. W czasie kolejnych 72 godzin rejestrowano zachowanie ślimaków w poszczególnych pojemnikach. Uzyskane nagrania analizowano zliczając czas poszczególnych zachowań, dla każdej godziny doby oddzielnie, przy użyciu oprogramowania Noldus EthoVision. Wszystkie doświadczenia wykonano w 6 powtórzeniach.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach realizacji projektu WARION - Pol-Nor/201888/77/2013.

**MALAKOCENOZY GORCZAŃSKIEGO PARKU
NARODOWEGO**

MARCIN KASZUBA, EWA STWORZEWICZ

Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt, Polska Akademia Nauk, Kraków

Badania malakofauny w Gorczańskim Parku Narodowym były prowadzone w latach 2007-2009, od czerwca do października każdego roku. Ślimaki zbierano na 38 stanowiskach metodą „na upatrzonego” oraz z zastosowaniem metody przesiewania ściółki przez sito. Stanowiska wyznaczono na obszarze sześciu różnych zespołów roślinnych: buczyny karpackiej (*Dentario glandulosae-Fagetum*), boru świerkowo-jodłowego (*Abieti-Piceetum*), olszyny karpackiej (*Alnetum incanae*), żyznej górskiej łąki kośnej (*Gladiolo-Agrostietum*), murawy z trawą bliźniczką (*Hieracio-Nardetum stricte*) i młaki kozłkowo-turzycowej (*Valeriano-Caracetum flavae*). Ponadto penetrowano również źródła i potoki, a także zarastający mały staw. Łącznie zebrano ok. 3500 osobników, reprezentujących 61 gatunków ślimaków lądowych z 16 rodzin, oraz dwa gatunki ślimaków wodnych (*Bythinella austriaca* i *Lymnaea peregra*) i małża *Pisidium casertanum*.

Najbogatsza malakocenoza, w której stwierdzono 53 gatunki ślimaków, związana jest z buczyną karpacką. Spośród nich aż 16 gatunków występuje tylko w tym środowisku. Analiza ekologiczna wykazała duży udział gatunków leśnych (65.5%), w tym połowę (50.8%) stanowią gatunki typowo leśne, nie występujące w innych środowiskach. Najliczniej reprezentowane są tutaj Zonitidae (11 gatunków) i Clausiliidae (10 gatunków). Malakocenozy pozostałych dwóch zbiorowisk leśnych są znacznie uboższe, szczególnie bór świerkowo-jodłowy, gdzie znaleziono tylko 15 gatunków ślimaków. Wszystkie one występowały też w buczynie karpackiej, ale w tym przypadku Clausiliidae i Zonitidae miały znacznie mniejszy udział (po 3 gatunki), natomiast liczniej reprezentowane były Helicidae (4 gat.). Wszystkie trzy leśne zbiorowiska mają 15 gatunków wspólnych, z których większą część (9 gatunków) stanowią typowo leśne elementy: *Vitrea diaphana*, *Aegopinella pura*, *Bielzia coerulans*, *Cochlodina laminata*, *Macrogastra plicatula*, *M. ventricosa*, *Perforatella incarnata*, *Chilostoma faustinum*, *Arianta arbustorum* i *Isognomostoma isognomostoma*.

Pod względem zoogeograficznym malakofauna zbiorowisk leśnych GPN wykazuje przewagę gatunków karpackich (10), a wśród nich są dwa endemity karpackie: *Balea stabilis* i *Vestia gulo*. Nieco mniejszy udział mają elementy europejskie o szerokim rozmieszczeniu (9) i holarktyczne (8), następnie europejskie o ograniczonym zasięgu (środkowo-, południowo- i wschodnioeuropejskie, 7) i alpejsko-karpackie (6). Pozostałe elementy, takie jak euro-syberyjskie, borealno-górskie i zachodnio-palearktyczne są reprezentowane nielicznie.

Spośród środowisk nieleśnych najuboższe pod względem malakofauny są murawy z trawą bliźniczką, które tworzą jednolite kobierce na polanach. Stwierdzono tam występowanie 13 gatunków, z przewagą form mniej lub bardziej wilgociolubnych. Malakofauna łąk i młak jest nieco bogatsza (20 i 18 gatunków), ale obie te malakocenozy różnią się jakościowo. Na łąkach najliczniej reprezentowana jest rodzina Helicidae (4), a młaki charakteryzują się przewagą Vertiginidae (6), wśród których odnotowano również *Vertigo angustior*.

Najpospolitszymi ślimakami w Gorczańskim Parku Narodowym są: *Carychium tridentatum*, *Columella edentula*, *Vitrina pellucida* i *Aegopinella pura*, które występują we wszystkich sześciu badanych malakocenozach.

**RACICZNICA ZMIENNA: ŻEROWISKO DLA
BENTOSOŻERNYCH RYB BABKOWATYCH CZY
CHRONIENIE DLA ICH OFIAR?**

JAROSŁAW KOBAK¹, MAŁGORZATA POZNAŃSKA¹, ŁUKASZ JERMACZ¹,
TOMASZ KAKAREKO², DANIEL PRĄDZYŃSKI¹, MAŁGORZATA
ŁODYGOWSKA¹, KAROLINA MONTOWSKA¹, KAROLINA BĄCELA-
SPYCHALSKA³

¹ Zakład Zoologii Bezkręgowców, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Toruń

² Zakład Hydrobiologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Mikołaja
Kopernika, Toruń

³ Zakład Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii, Uniwersytet Łódzki, Łódź

Kolonie inwazyjnego, pontokaspijskiego małża racicznicy zmiennej (*Dreissena polymorpha*) stanowią korzystne siedliska dla wielu bentosowych bezkręgowców, znacząco zwiększając ich bogactwo gatunkowe i liczebność. Organizmy bentosowe znajdują w koloniach racicznicy dogodne schronienia przed drapieżnikami, a także, w przypadku detrytofagów, łatwo dostępne i obfite źródło pokarmu (pseudofekalia małży). Natomiast wpływ małży na bentosożerne ryby może wahać się od pozytywnego do negatywnego, w zależności od stopnia wzrostu zagęszczenia ofiar i ograniczenia możliwości ich pozyskania z kolonii o złożonej strukturze. Tak więc, ustalenie znaczenia małży dla poszczególnych gatunków ryb bentosożernych wymaga dodatkowych, szczegółowych badań.

Przypuszcza się, że pontokaspijskie ryby babkowate (babka łyśa – *Babka gymnotrachelus* i babka rurkonosa – *Proterorhinus semilunaris*), od niedawna obecne w naszej faunie, mogą korzystać z obecności racicznicy zmiennej i znajdować w jej koloniach dogodne żerowiska. Aby zweryfikować tę hipotezę, przeprowadziliśmy eksperymenty laboratoryjne, mające na celu ustalenie, przy jakim wzroście zagęszczenia ofiar (larw ochotkowatych – Chironomidae) (w zakresie 500-2000 osobników na m²) w kolonii małży ryby zaczną żerować podobnie lub bardziej efektywnie niż z alternatywnych podłoży kamienistych lub piaszczystych dostępnych w środowisku (przy ustalonym zagęszczeniu ofiar 500 osobników na m²). Zbadaliśmy również, jak zmiany w obfitości pokarmu w kolonii małży wpływają na preferencje siedliskowe wymienionych gatunków ryb.

Kolonie małży okazały się być lepszym żerowiskiem dla ryb przy obfitości pokarmu dwukrotnie większej niż w podłożach mineralnych (1000 vs. 500 osobników na m²), niezależnie od gatunku i rozmiaru drapieżnika. Babka rurkonosa wybierała siedliska tworzone przez racicznicę zawsze, niezależnie od dostępności pokarmu, natomiast babka łyśa zmieniała swoje preferencje, wybierając małże tylko przy większej obfitości pokarmu w ich koloniach. Ponadto, większe osobniki babki łyśej były bardziej związane z koloniami małży niż młode, a babka rurkonosa żerowała wśród małży skuteczniej niż babka łyśa.

Przegląd literatury na temat zmian w strukturze i liczebności zoobentosu w obecności racicznicy wskazuje, że różnice w obfitości larw Chironomidae w zakresie, który w naszych badaniach czynił kolonie małży atrakcyjnymi żerowiskami dla ryb, są

często spotykane w środowisku naturalnym. Tak więc, racicznica zmienna ma najprawdopodobniej pozytywny wpływ na ryby babkowate. Może to stanowić istotną składową zjawiska *invasional meltdown*, polegającego na zwiększaniu skuteczności zasiedlania nowych terenów przez obce gatunki wraz z rosnącą liczbą organizmów inwazyjnych już obecnych w danym rejonie.

Badania zostały sfinansowane z grantu NCN 2011/03/D/NZ8/03012

MIĘCZAKI W ZBIORNIKACH WODNYCH WYBRANYCH PARKÓW MIEJSKICH

ANDRZEJ KOŁODZIEJCZYK¹, KRZYSZTOF LEWANDOWSKI²

¹Zakład Hydrobiologii, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski,
Centrum Badań Biologiczno-Chemicznych, Warszawa

²Instytut Biologii, Uniwersytet Przyrodniczo-Humanistyczny, Siedlce

Wcześniejsze badania mięczaków w zbiornikach śródmiejskich, położonych w obrębie Warszawy (jeziora: Powsinkowskie, Wilanowskie i Czerniakowskie) wykazały, że są one zasiedlone przez zróżnicowaną gatunkowo malakofaunę. Zbiorniki te są jednak pochodzenia naturalnego (starorzeczca) i położone, przynajmniej częściowo, w naturalnym otoczeniu pól uprawnych i /lub lasów.

Przeprowadzone w latach 2014-2016 badania dotyczyły malakofauny zbiorników wodnych położonych w obrębie parków miejskich (Park Skaryszewski i Park Pole Mokotowskie). Jezioro Kamionkowskie, położone częściowo w Parku Skaryszewskim, jest pochodzenia naturalnego (starorzecze Wisły), jednak zostało dosyć wyraźnie przekształcone, natomiast sąsiadujące, położone wewnątrz Parku cztery niewielkie, utworzone na początku XX w. zbiorniki mają wyraźnie sztuczny charakter (zasilane są wodami wodociągowymi, a część z nich ma wybetonowane dno i zimą ulegają one osuszeniu). Pomimo to malakofauna tych zbiorników okazała się bogata gatunkowo, przy czym najbardziej zróżnicowana była zarówno w Jeziorze Kamionkowskim, jak i w dwóch najbardziej „sztucznych” (wybetonowanych i okresowych) spośród zbiorników położonych wewnątrz Parku.

Zbiorniki wodne w Parku Pole Mokotowskie powstały dopiero w latach 70. i 80. XX wieku i mają całkowicie sztuczny charakter (wybetonowane dno, zasilanie wodą wodociągową, spuszczenie wody na zimę). Pomimo to w płytkich zbiornikach „wzbogacanych” opadającymi liśćmi drzew znaleźliśmy przedstawicieli aż ośmiu gatunków ślimaków i jeden gatunek małża - *Musculium lacustre*. Na większości zbadanych stanowisk mięczaki okazały się liczną, a nawet dominującą grupą makrofauny bezkręgowej.

Wśród mięczaków znalezionych w badanych zbiornikach przeważały gatunki pospolite (*Bithynia tentaculata*, *Valvata piscinalis*, *Radix balthica*), jednak znajdowano tam także gatunki obce (np. *Menetus dilatatus* w Jeziorze Kamionkowskim, *Physella acuta* w tym samym jeziorze oraz w najbardziej przekształconym stawie Parku Skaryszewskiego), rzadkie i podlegające ochronie (np. *Sphaerium rivicola* w Jeziorze Kamionkowskim), czy mało znane, jak *Bithynia troschellii* w dwóch silnie przekształconych stawach tego Parku. Oznaczać to może, że stawy parkowe mogą być zarówno refugiami dla gatunków rzadkich i ginących, jak i środowiskami stosunkowo szybko opanowywanymi przez mięczaki.

**PROSPECTS AND PROBLEMS IN RADIOCARBON DATING OF
MOLLUSCAN SHELLS
[PERSPEKTYWY I PROBLEMY DATOWANIA
RADIOWĘGLOWEGO MUSZLI MIĘCZAKÓW]**

TEREZA KOŘINKOVÁ

Ustav jaderne fyziky AV CR, Řež 130, 250 68 Husinec, Czech Republic

Radiocarbon dating is based on the assumption, that the proportion of the carbon isotopes ^{14}C and ^{12}C at the time of the organism's death is similar to that in the surrounding atmosphere. Unfortunately, calcium, which is necessary for the formation of molluscan shells, is often being taken up (in the form of the CaCO_3) from food and water, where the calcium carbonate often contains fossil carbon. Therefore, the shells often exhibit „older“ radiocarbon dates. Our laboratory is trying to compare the activity of carbon 14 in the calcium carbonate as well as in shell proteins and in the soft bodies of recent molluscs living under different ecological conditions and taking calcium from different sources (karst limestone, ruins of castles, citrate calcium, carbonates dissolved in water). The hypothesis assumes that effect of fossil calcium uptake on the „radiocarbon age“ will be strongest in the case of the inorganic (CaCO_3) component of the shell and less distinct in the case of soft tissues.

[Podstawa datowania radiowęglowego muszli polega na założeniu, że proporcja węgla ^{14}C i ^{12}C w czasie śmierci organizmu jest podobna do tej w atmosferze. Niestety, wapń niezbędny do budowy muszli jest pobierany (w formie CaCO_3) z pożywienia i wody, gdzie węglan wapnia często zawiera węgiel fosylny i datowanie muszli wykazuje starszy wiek próbek. Nasze laboratorium próbuje porównać aktywność węgla ^{14}C w węglanie wapnia jak również w białkach muszli i w ciałach mięczaków występujących w różnych warunkach ekologicznych, pobierających wapń z różnorodnych źródeł (wapień krasowy, zaprawa murarska ruin zamków, cytrynian wapnia, rozpuszczone w wodzie wodorowęglany i węglany). Hipoteza zakłada, że spożycie wapnia fosylnego wpływa najbardziej na „wiek radiowęglowy“ w przypadku węgla zawartego w węglanie wapnia muszli, natomiast najmniej na wiek tkanek miękkich.]

**OCENA PODATNOŚCI ODMIAN GROCHU (*PISUM SATIVUM*
L.) NA USZKODZENIA PRZEZ *ARION VULGARIS* I *ARION*
RUFUS (GASTROPODA: ARIONIDAE)**

JAN KOZŁOWSKI, MONIKA JASKULSKA

Instytut Ochronny Roślin, Państwowy Instytut Badawczy, Poznań

Ślimiki (Gastropoda: Arionidae) są problemem w uprawach grochu. Uszkadzają kielkujące nasiona, siewki i strąki, stwarzając poważne zagrożenie dla upraw tej rośliny. Największe straty plonu powstają w wyniku żerowania ślimaków na strąkach (Port i Ester 2002). Jednak nie bez znaczenia dla losu upraw są szkody wyrządzone w okresie wczesnych fazach rozwojowych roślin. Ślimaki niszczą zarodki nasion oraz rośliny po wschodach, co prowadzi do dużych ubytków roślin w uprawach niektórych odmian grochu.

W ramach integrowanej ochrony roślin przed szkodliwymi ślimakami coraz większe znaczenie mają metody niechemiczne. Na szczególną uwagę zasługuje wykorzystanie odmian tolerancyjnych i mniej podatnych na żerowanie tych szkodników. Najwięcej badań z tego zakresu wykonano dla rzepaku, ziemniaka, łubinu i koniczyny. Stwierdzono, że niektóre odmiany lub formy tych roślin są mniej podatne na uszkodzenia przez ślimaki (Dirzo i Harper 1982, Aguiar i Wink 1999, Ester i Trul 2000, Moens i Glen 2002). Brak jest natomiast informacji na temat podatności odmianowej grochu. Było to powodem podjęcia przez nas badań, na wpisanych do krajowego rejestru, wybranych odmianach grochu siewnego. Badania wykonano w kontrolowanych warunkach, w których eksponowano nasiona i siewki 11 odmian grochu na żerowanie ślimaków *A. vulgaris* i *A. rufus*. W przeprowadzonych testach określono tempo i wielkość uszkodzeń i oceniono podatność odmian. Analiza wyników wykazała, że najbardziej podatne dla obydwóch gatunków ślimaków były nasiona i rośliny grochu odmiany Muza. W przypadku *A. vulgaris* wysoką podatność na uszkodzenia wykazały także rośliny odmiany Mentor, a dla *A. rufus* - rośliny odmiany Medal. Wymienione odmiany grochu nie powinny być uprawiane na terenach zasiedlonych przez ślimaki *A. vulgaris* i *A. rufus*.

**PORÓWNANIE WIELKOŚCI USZKODZEŃ ODMIAN
KONICZYNY BIAŁEJ (*TRIFOLIUM REPENS* L.) PRZEZ *ARION*
VULGARIS MOQUIN TANDON, 1885, *ARION RUFUS*
(LINNAEUS, 1758) I *DEROCERAS RETICULATUM* (O. F.
MÜLLER, 1774)**

JAN KOZŁOWSKI¹, MONIKA JASKULSKA¹, MARIA KOZŁOWSKA²

¹Instytut Ochrony Roślin, Państwowy Instytut Badawczy, Poznań

²Uniwersytet Przyrodniczy, Poznań

Koniczyna biała (*Trifolium repens* L.) jest cenną rośliną pastewną, leczniczą i miododajną. Jest wysiewana w zbożach jako poplon oraz do zakładania i renowacji trwałych użytków zielonych, zwłaszcza pastwisk. Ze względu na dużą zawartość białka jest bardzo atrakcyjnym pokarmem dla wielu gatunków szkodników, w tym również ślimaków. Obecnie nie ma zarejestrowanych środków do ochrony upraw koniczyn przed szkodliwymi ślimakami. W związku z tym poszukuje się innych metod ograniczania szkód wyrządzanych przez te szkodniki, ze szczególnym uwzględnieniem metod niechemicznych. Jedną z nich może być wykorzystanie odmian tolerancyjnych lub mniej podatnych na uszkodzenia. Informacje na ten temat są bardzo ubogie, co było przyczyną podjęcia niniejszych badań. Wykonano je w warunkach kontrolowanych, na siedmiu odmianach koniczyny białej, eksponowanych na ślimaki *A. vulgaris*, *A. rufus* i *D. reticulatum*. Celem badań była ocena wpływu biochemicznych właściwości odmian na ich podatność na uszkodzenia przez te gatunki ślimaków. Analizy biochemiczne roślin na obecność cyjanogennych glikozydów wykonano metodą opisaną przez Gierschuer'a et al. (1969). W testach bez wyboru określano tempo i wielkość uszkodzeń roślin badanych odmian. Uzyskane wyniki obserwacji poddano analizie wariancji i zastosowano test Fishera przy poziomie istotności $\alpha = 0,05$. Wykazano, że wielkość uszkodzeń roślin koniczyny białej była zróżnicowana w zależności od odmiany oraz od gatunku ślimaka. Najsłabiej uszkodzane były rośliny odmiany Riesling charakteryzujące się wysoką zawartością cyjanogennych glikozydów. Wskazuje to, że te wtórne metabolity roślinne mogą mieć duże znaczenie w ograniczaniu żerowania i uszkodzeń roślin przez ślimaki. Odmiany z dużą zawartością tych związków mogą być naturalnie chronione przed zjadaniem przez roślinożerców. Mogą być praktycznie wykorzystane do uprawy na terenach zagrożonych przez ślimaki i inne szkodniki zamiast odmian podatnych, takich jak Romena, Tasman lub Sonja.

**MOLEKULARNA ANALIZA FILOGEOGRAFICZNA *DISCUS*
PERSPECTIVUS (MEGERLE VON MUEHLFELD, 1818)**

ELŻBIETA KUŹNIK-KOWALSKA¹, TOMASZ STRZAŁA², PAWEŁ
MACKIEWICZ³, MAŁGORZATA PROĆKÓW⁴, BEATA M. POKRYSZKO⁴

¹Zakład Systematyki i Ekologii Bezkręgowców, Instytut Biologii, Uniwersytet
Przyrodniczy, Wrocław

²Pracownia Biologii Molekularnej i Cytogenetyki, Katedra Genetyki, Uniwersytet
Przyrodniczy, Wrocław

³Zakład Genomiki, Wydział Biotechnologii, Uniwersytet Wrocławski, Wrocław

⁴Muzeum Przyrodnicze, Wydział Nauk Biologicznych, Uniwersytet Wrocławski,
Wrocław

Discus perspectivus, przedstawiciel ślimaków lądowych z rodziny Endodontidae, to gatunek karpacko-dynarsko-wschodnioalpejski o rozerwanym zasięgu, nieregularnym pierścieniem otaczającym Kotlinę Panońską. Zasiedla prawie całe Karpaty (wraz z Alpami Transylwańskimi i Siedmiogrodem), sięgając poprzez Serbię i Czarnogórę do południowej Dalmacji, a następnie górami Dynarskimi, wzdłuż wybrzeży Adriatyku – do Alp Wschodnich. Na zachodzie sięga do południowo-zachodniej Bawarii, okolic Monachium i Norymbergi, na północ – do Średniogórza Czeskiego, Dolnego Śląska, Wyżyny Krakowsko-Częstochowskiej i północnej części Karpat. W Polsce gatunek ten występuje w Bieszczadach, gdzie sięga do 1000 m n.p.m. i na ich przedgórzu, na Roztoczu, w Beskidzie Niskim, Sądeckim, Wyspowym i Żywieckim, a także w Pieninach (do wys. 700 m n.p.m.). Ponadto występuje w Sudetach i na Wyżynie Krakowsko-Częstochowskiej, skąd znany jest również w stanie subfossylnym.

W stanie kopalnym *D. perspectivus* znany jest od środkowego plejstocenu (interglacjał kromerski) i uważany za gatunek przewodni dla interglacjałów, zwłaszcza dla eemskiego. W cieplejszych okresach plejstocenu był szerzej rozmieszczony niż obecnie, zwłaszcza w kierunku północno-zachodnim.

Północna granica rozmieszczenia tego gatunku przebiega przez Polskę, a poglądy na pochodzenie jego wyspowych stanowisk są bardzo rozbieżne i nieoparte żadnymi badaniami, wydaje się jednak, że obecnie istniejące populacje z różnych części kraju mogą mieć różne pochodzenie.

W celu ustalenia pochodzenia, przede wszystkim polskich populacji, przeprowadzono badania genetyczne fragmentu genu COI. Materiał pochodził z Polski, Czech, Austrii i Serbii. Zsekwencjonowano 102 osobniki. Wśród 74 sekwencji stwierdzono obecność 30 różnych haplotypów mtDNA.

Wstępne wyniki wskazują, że współczesne występowanie *D. perspectivus* w Polsce sugeruje trzy możliwości kolonizacji naszego kraju: 1) z terenów w obrębie zasięgu gatunku, ale nie podlegających zlodowaceniom (południe i wschód Karpat); 2) z jednego z tzw. „małych refugium”, w tym przypadku Jury Krakowsko-Częstochowskiej; 3) z różnych obszarów.

Projekt współfinansowany ze środków Krajowego Naukowego Ośrodka Wiodącego KNOW na lata 2014-2018 dla Wrocławskiego Centrum Biotechnologii

**CO CECHY HISTORII ŻYCIA MOGĄ POWIEDZIEĆ
O STRUKTURZE I DYNAMICE POPULACJI ZAGROŻONEGO
GATUNKU *VERTIGO MOULINSIANA* (DUPUY, 1849)**

ANNA M. LIPIŃSKA¹, STANISŁAW MYZYK², ADAM M. ĆMIEL¹, DOROTA
KWAŚNA¹, KATARZYNA ZAJĄC¹, TADEUSZ ZAJĄC¹

¹Institut Ochrony Przyrody, Polska Akademia Nauk, Kraków

²Sąpolno 14, 77-320 Przechlewo

Opisujemy przypadek rzadkiego gatunku ślimaka lądowego *Vertigo moulinsiana*, którego stanowiska w całym zasięgu występowania są nieliczne i rozproszone. Cechy historii życia tego gatunku zostały bardzo dokładnie zbadane i opisane (Myzyk 2011). Badania dynamiki populacji ujawniły wzorzec w ciągu roku typowy dla wielu bezkręgowców, opisywany już przez Andrewarthe i Bircha (1954): w okresie wegetacyjnym ślimaki osiągają bardzo wysoką liczebność populacji i szeroki zasięg, podczas gdy po okresie wegetacyjnym praktycznie trudno je stwierdzić. Zakładamy wyjaśnianie takiej dynamiki populacji przez cechy historii życia, w oparciu o silne związki pomiędzy stadiami rozwojowymi, ale różną dla każdego stadium wrażliwość na czynniki zewnętrzne. Ta teza została zweryfikowana przy użyciu symulacji matematycznych i danych terenowych.

Wyniki badań potwierdzają występowanie charakterystycznych dla tego gatunku fluktuacji liczebności zarówno w obrębie sezonu, jak i pomiędzy latami. Jak wynika ze stworzonego przez nas modelu matematycznego, dla przetrwania populacji największe znaczenie ma współczynnik śmiertelności jaj i osobników młodocianych. Od tego parametru zależy liczba zniesionych jaj w następnym sezonie. Stworzony przez nas model, oparty na cechach historii życia, jest też dowodem na to, jak ważne jest badanie rozrodczości w badaniach populacyjnych.

**CZYM SKORUPKA ZA MŁODU NASIĄKNIE, CZYLI CO O
MIĘCZAKACH MÓWIĄ KSIĄŻECZKI DLA DZIECI. ANALIZA
MALAKOLOGICZNYCH WĄTKÓW LITERATURY
DZIECIĘCO-MŁODZIEŻOWEJ**

JAROSŁAW J. MAĆKIEWICZ

Chełmska 85 m. 11, 95-100 Zgierz

W wystąpieniu podjęto próbę przeanalizowania wątków malakologicznych w dostępnej polskojęzycznej literaturze dziecięco-młodzieżowej. Autor stawia pytanie: czy i w jaki sposób kreacja wątków malakologicznych może stanowić źródło wiedzy o mięczakach dla najmłodszego czytelnika?

Przeanalizowano łącznie 39 tytułów zwartych publikacji, które wyszukiwano poprzez stosowanie słów-kluczy: „ślimak”, „mięczak”, „małż”, „muszla”, „perła”, „ośmiornica”. Kwerendę przeprowadzono w serwisach aukcyjnych i popularnych przeglądarkach internetowych.

Analizowane tytuły roboczo można dzielić wg różnych kryteriów, m.in. ze względu na wiek odbiorcy, znaczenie ilustracji, formę książki, cele dydaktyczne i wychowawcze. Podkreślenia wymaga, że podstawowym zadaniem literatury dziecięco-młodzieżowej jest aspekt wychowawczo-dydaktyczny, stąd prezentowane treści podporządkowane są treściom moralnym, a nie empirycznym. Osobnym rodzajem publikacji są książki popularno-naukowe, adresowane do dzieci i młodzieży (4 tytuły).

Przeprowadzona analiza pozwala na sformułowanie kilku wniosków. Najczęstszym motywem malakologicznym jest obecność ślimaka i jego muszli. W ilustracjach do książek autorzy na ogół nie zwracają uwagi na kształt muszli i kierunek skrętów; muszle ślimaków mają charakter schematyczny, choć trafiają się również ilustracje szczegółowo oddające urzeźbienie muszli (np. B. Sudół „Wyprawa ślimaka do grodu Kraka”). Ślimaki na ogół przedstawiane są jako zwierzęta powolne, sympatyczne, miłe, towarzyskie, przyjazne; wyjątek stanowi książka „Pocałunek ślimaka” Fabrizi Poluzzi. W dwóch analizowanych publikacjach zwrócono uwagę na ślimaki oskorupione i ślimaki bez muszli, z tym, że wyjaśnienie problemu pozostało na poziomie moralnym (symbolicznym) z pominięciem wyjaśnienia empirycznego. W jednym analizowanym przypadku postać ślimaka podporządkowana jest uzasadnieniu przesłanek ideologicznych („Kim jest ślimak Sam?”). W dwóch tytułach słowo „ślimak” nie odnosi się bezpośrednio do wątków malakologicznych, odpowiadając implantowi ślimakowemu ucha wewnętrznego (A. Chmielewska, „Ślimak”), oraz określeniu zachowania o charakterze seksualnym osoby dorosłej względem dziecka (F. Poluzzi, „Pocałunek ślimaka”). Obie publikacje mają charakter tzw. „bajki terapeutycznej”. W trzech tytułach pojawia się postać ośmiornicy, która reprezentuje pozytywne cechy usposobienia; kałamarnica pojawia się raz jako bohaterka powieści *fantasy* dla młodzieży. Muszla funkcjonuje w literaturze dziecięco-młodzieżowej jako obiekt tajemniczy, niezwykły i atrakcyjny. Zaskakującym wnioskiem jest brak jakichkolwiek odniesień do małży, co autor interpretuje jako skutek braku antropomorficznych cech możliwych do przypisania małżom (brak oczu, ust, głowy czy ramion); małże pojawiają się tylko jako wątek poboczny w książce „Osieć ramion ośmiornicy”. Wśród tytułów popularno-naukowych dla dzieci i młodzieży znajdują się

również publikacje zawierające szereg błędów merytorycznych. Literatura dziecięco-młodzieżowa może stanowić atrakcyjny punkt wyjścia do rozmów z dziećmi na temat otaczającej rzeczywistości, sama w sobie jednak zawiera niewielką wartość poznawczą w odniesieniu do świata mięczaków.

**HISTOLOGIA, ULTRASTRUKTURA I FUNKCJA
ALLOSPERMIDUKTU U ŚWIDRZYKÓW BALEINAE
RÓŻNIĄCYCH SIĘ STRATEGIAMI ROZRODU
(GASTROPODA: PULMONATA: CLAUSILIIDAE)**

TOMASZ K. MALTZ¹, IZABELA JĘDRZEJOWSKA²,
ANNA SULIKOWSKA-DROZD³

¹Muzeum Przyrodnicze, Uniwersytet Wrocławski

²Zakład Biologii Rozwoju Zwierząt, Uniwersytet Wrocławski

³Katedra Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii, Uniwersytet Łódzki

U lądowych ślimaków płucodysznych najczęściej spotykanym układem rozrodczym jest układ semidiauliczny, w którym spermowidukt składa się z dwóch częściowo otwartych przewodów: nasieniowodu, częściowo otoczonego prostatą, i jajowodu. Po rozdzieleniu się, poniżej prostaty, przewody stają się niezależnymi narządami. Istnieją także gatunki, u których układ rozrodczy jest semitriauliczny, co oznacza, że w gonodukcie można wyróżnić dodatkowy przewód – allospermidukt. U takich ślimaków spermowidukt składa się z trzech częściowo otwartych przewodów: spermowiduktu (=autospermiduktu), allospermiduktu i jajowodu, natomiast po wyodrębnieniu się wolnego nasieniowodu allospermidukt wraz z kanałem jajowodu tworzą wolny owidukt. Taki układ rozrodczy jest typowy dla dotychczas badanych pod tym względem świdrzyków. Ponieważ allospermidukt jest częścią spermowiduktu i wolnego jajowodu, badania anatomiczne, histologiczne i ultrastrukturalne objęły oba narządy.

Celem przeprowadzonych badań było wykazanie, czy istnieją różnice w budowie jajowodu i allospermiduktu w związku z różnymi strategiami rozrodu: jajorodnością, retencją jaj i jajożyworodnością (*sensu* Tompa)/żyworodnością lecytotroficzną (*sensu* Blackburn). Wybór obu narządów był podyktowany również tym, że u ślimaków przetrzymujących jaja retencja odbywa się w dolnej części spermowiduktu i w wolnym jajowodzie. Do badań posłużono się przedstawicielami trzech gatunków świdrzyków Baleinae o znanej biologii, różniących się strategiami rozrodu: *Laciniaria plicata* (gatunek jajorodny), *Vestia gulo* (gatunek przetrzymujący jaja) and *Alinda biplicata* (gatunek żyworodny). Badania anatomiczne wykazały, że proporcja długości wolnego jajowodu do długości spermowiduktu jest inna u ślimaków jajorodnych i z retencją jaj/żyworodnych.

Na podstawie badań histologicznych i ultrastrukturalnych stwierdzono, że nie ma różnic w budowie spermowiduktu. Narząd ten składa się z trzech częściowo połączonych przewodów. Każdy z nich zbudowany jest z warstwy komórek nabłonkowych, natomiast allospermidukt i jajowód zawierają dodatkowo subepitelialne komórki wydzielnicze. Istotne różnice zaobserwowano w budowie morfologicznej i ultrastrukturze allospermiduktu wchodzącego w skład wolnego jajowodu u gatunków o odmiennych strategiach rozrodu. Różnice dotyczą wydzielin produkowanych przez subepitelialne komórki wydzielnicze, które prawdopodobnie mają kluczowe znaczenie dla strategii przetrzymywania jaj/żyworodności.

Badania zostały sfinansowane z projektu badawczego nr NN 303 796740

**TRICHOBILHARZIA SP. NA TLE POZOSTAŁYCH INWAZJI
DIGENEA U LYMNAEIDAE**

ANNA MARSZEWSKA, ANNA CICHY, ELŻBIETA ŻBIKOWSKA

Zakład Zoologii Bezkręgowców, Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Toruń

Ptasie schistosomy to pasożytnicze płazińce z rodziny Schistosomatidae, charakteryzujące się dwużywielskim cyklem rozwojowym. Rolę żywicieli ostatecznych pełni ptactwo, a żywicielami pośrednimi są wodne Pulmonata. Wniknięcie cercarii do nietypowego żywiciela – człowieka nie skutkuje domknięciem cyklu, jakkolwiek dalszy los inwazyjnych larw nie jest znany. Pojawiającej się na skórze зараzonej osoby wysypce mogą towarzyszyć symptomy dodatkowe, jak nudności, biegunka, powiększone węzły chłonne, bezsenność, gorączka, a nawet wstrząs anafilaktyczny i zaburzenia pracy układu oddechowego. Warto też podkreślić, że w warunkach eksperymentalnych pasożyt pokonuje barierę skóry ssaków i dociera do narządów wewnętrznych.

Celem badań było poznanie stopnia zarażenia Lymnaeidae przez *Trichobilharzia* sp. na tle pozostałych inwazji Digenea, w wybranych zbiornikach wodnych, w okresie intensywnej rekreacji. Poznano prevalencję, a także intensywność inwazji mierzoną liczbą wydalanych przez ślimaki cercarii w kontrolowanych warunkach termicznych (19°C). Próby malakologiczne pobierano w lipcu i sierpniu 2015 z Jeziora Głuszyńskiego, Modzerowskiego (województwo kujawsko-pomorskie), Skulskiego (województwo wielkopolskie) i Szymbarskiego (województwo warmińsko-mazurskie).

Przebadano 286 osobników *Lymnaea stagnalis* oraz 264 *Radix balthica*. Ptasie schistosomy odnotowano u *L. stagnalis* z czterech, a u *R. balthica* z dwóch jezior. Zarażenie przywrami stwierdzono u 55,6% badanych *L. stagnalis* i 23,1% *R. balthica*. Żywiciele *Trichobilharzia* sp. w całkowitej puli zarażonych *L. stagnalis* stanowili 10,1% a *R. balthica* - 3,3%. Udział ślimaków zarażonych innymi gatunkami Digenea wahał się od 1,3 do 33,3%.

W warunkach eksperymentalnych ślimaki z rodzaju *Radix* uwalniały w ciągu doby średnio 1657 (± 54) cercarii ptasich schistosom, 990 (± 110) larw *Diplostomum pseudospathaceum* i 503 (± 35) *Tyleodelphys clavata*. Stwierdzone różnice były istotne statystycznie (jednoczynnikowa ANOVA: $F_{2,6}=62,12$, $p<0,001$).

Zarażone przez *Trichobilharzia* sp. ślimaki uwalniają podczas swojego życia tysiące inwazyjnych cercarii, dlatego nawet przy niskiej prevalencji istnieje realne zagrożenie *swimmers'itch*. Powszechne występowanie ślimaków wysiewających cercarie ptasich schistosom i obecność ptactwa wodnego, a także coraz częstsze notowania przypadków świądu pływaków stanowią wystarczająco mocne argumenty za koniecznością podejmowania monitoringu inwazji tych przywr u ślimaków w miejscach kąpieliskowych.

**ŚLIMAKI ŁĄDOWE SUWALSKIEGO PARKU
KRAJOBRAZOWEGO**

MAGDALENA MARZEC

Suwalski Park Krajobrazowy, Malesowizna–Turtul, Jeleniewo

W latach 2013 i 2014 przeprowadzono inwentaryzację ślimaków lądowych występujących w Suwalskim Parku Krajobrazowym (województwo podlaskie, powiat suwalski). Dotychczas na tym terenie jedynie okolice jeziora Hańcza (Pokryszko i Cameron 2006) doczekały się szczegółowego opracowania malakofauny lądowej. Ponadto Buczyński i in. (2007) zebrali pojedyncze informacje o ślimakach okolic jeziora Jaczno.

W ramach inwentaryzacji ślimaków lądowych SPK skontrolowano 28 stanowisk, w tym 15 leśnych i 13 terenów otwartych. Łącznie w trakcie niniejszych badań stwierdzono obecność 56 gatunków ślimaków lądowych. Aktualna lista gatunków ślimaków lądowych Suwalskiego Parku Krajobrazowego (uzupełniona o wcześniejsze dane) obejmuje 61 gatunków: *Acicula polita*, *Carychium minimum*, *C. tridentatum*, *Succinea oblonga*, *S. putris*, *Oxyloma sarsii*, *Cochlicopa lubrica*, *C. lubricella*, *C. nitens*, *Columella edentula*, *Truncatellina cylindrica*, *Vertigo alpestris*, *V. antivertigo*, *V. moulinsiana*, *V. pusilla*, *V. pygmaea*, *V. substriata*, *V. angustior*, *Pupilla muscorum*, *P. pratensis*, *Vallonia costata*, *V. excentrica*, *V. pulchella*, *Acanthinula aculeata*, *Ena obscura*, *Punctum pygmaeum*, *Discus ruderatus*, *D. rotundatus*, *Arion subfuscus*, *A. circumscriptus*, *Vitrina pellucida*, *Vitrea contracta*, *V. crystallina*, *Aegopinella minor*, *Ae. pura*, *Nesovitrea hammonis*, *N. petronella*, *Zonitoides nitidus*, *Limax cinereoniger*, *Malacolimax tenellus*, *Deroceras laeve*, *Euconulus alderi*, *E. fulvus*, *Cochlodina laminata*, *C. orthostoma*, *Macrogastra latestriata*, *M. plicatula*, *M. ventricosa*, *Clausilia cruciata*, *Cl. dubia*, *Laciniaria plicata*, *Bulgarica cana*, *Bradybaena fruticum*, *Helicella obvia*, *Perforatella bidentata*, *P. rubiginosa*, *Euomphalia strigella*, *Arianta arbustorum*, *Cepea hortensis*, *C. nemoralis*, *Helix pomatia*.

**WŁADYSŁAW EMANUEL LUBOMIRSKI (1824–1882)
I JEGO KOLEKCJA MALAKOLOGICZNA**

DOMINIKA MIERZWA-SZYMKOWIAK¹, Abraham S.H. Breure^{2,3}

¹Muzeum i Instytut Zoologii, Polska Akademia Nauk, Warszawa

²Naturalis Biodiversity Center, P.O. Box 9500, 2300 RA Leiden, the Netherlands

³Royal Belgian Institute of Natural Sciences, Vautierstraat 29, 1000 Brussels, Belgium

Władysław Emanuel Lubomirski urodził się w 1824 roku w Stanisławowie, w guberni mohylewskiej (obecnie Białoruś), jako syn Eugeniusza i Marii z Czackich. W młodym wieku został sierotą (kiedy miał trzy lata zmarła jego matka, siedem lat później zmarł ojciec). Jego opiekunem był starszy brat Stefan Lubomirski.

Władysław E. Lubomirski uczył się w prywatnym zakładzie naukowym Wawrzyńca Czekanowskiego w Krzemieńcu. Temu nauczycielowi i z zamiłowania entomologowi zawdzięczał swoje zainteresowania przyrodnicze. Naukę kontynuował w liceach w Kijowie i Carskim Siole (obecnie Puszkina) koło Petersburga. Po ukończeniu szkół przez krótki czas pracował jako urzędnik państwowy. Szybko jednak wrócił do Stanisławowa i zajął się zarządzaniem majątkiem. Podczas pobytu w Stanisławowie zbierał i tworzył zielnik miejscowej flory, który później uzupełniał roślinami z różnych części świata. Założył ogród botaniczny i bibliotekę obejmującą głównie dzieła botaniczne. Sprawował opiekę nad oficjalistami i chłopami pracującymi w jego majątku. Zorganizował szpital, aptekę i szkoły ludowe. W latach 1858–1863 był marszałkiem szlachty powiatu orszańskiego. Podczas Powstania Styczniowego był komisarzem wojewódzkim, za co został skazany na kilkuletnią zsyłkę w głąb Rosji. Po powrocie z zesłania, od 1867 roku zamieszkał na stałe w Warszawie.

W Warszawie Władysław E. Lubomirski nawiązał kontakt z zoologami skupionymi wokół Gabinetu Zoologicznego (m.in. Władysławem Taczanowski, Antonim Wagą, Antonim Waleckim) oraz mecenasami nauk przyrodniczych Aleksandrem i Konstantym Branickimi. Stał się obok braci Branickich jednym z mecenasów tego Gabinetu. Władysław E. Lubomirski finansował zakupy kolekcji i wyprawy naukowe (m.in. badania Benedykta Dybowskiego na Syberii). Razem z bratem Janem Tadeuszem Lubomirskim sfinansował pierwsze wydawnictwo Gabinetu Zoologicznego – *Wiadomości z Nauk Przyrodzonych*. W wolnych chwilach Władysław E. Lubomirski aklimatyzował rośliny w niewielkim ogrodzie w Warszawie, nadsyłane przez Benedykta Dybowskiego z Azji, Konstantego Jelskiego i Jana Sztolcmana z Ameryki Południowej.

Dodatkowo zaczął kolekcjonować muszle mięczaków z całego świata, głównie drogą zakupu w wyspecjalizowanych firmach handlowych, oraz finansować działalność eksploratorską polskich przyrodników. W ciągu 15 lat stworzył pierwszy w Polsce naukowy zbiór muszli liczący około 8000 gatunków. Razem z Antonim Ślósarskim uporządkował i oznaczył zbiory malakologiczne Gabinetu Zoologicznego. Pod koniec życia zajął się naukowym opracowaniem ślimaków południowoamerykańskich nadsyłanych przez K. Jelskiego i J. Sztolcmana. Napisał dwie prace: *Note sur une nouvelle espèce de Guesteria Crosse* (Paryż, 1879) i *Notice sur quelques Coguilles du Pérou* (London, 1879). Oprócz wymienionych publikacji przygotował trzecią, na podstawie muszli zebranych w Peru przez J. Sztolcmana, lecz z powodu choroby i

przedwczesnej śmierci nie zdołał jej skończyć. Był członkiem *Société Zoologique de France*.

Władysław Emanuel Lubomirski zmarł 24 lutego 1882 roku w Warszawie. Jego grób znajduje się na Cmentarzu Powązkowskim. Dedykowano mu m.in. kilka nowo opisanych gatunków zwierząt, w tym *Helix (Frutucicola) lubomirski* Ślósarski, 1881 (Mollusca), *Mycetophila lubomirskii* Dziedzicki, 1884 (Arthropoda), *Hyale lubomirski* Wrześniowski, 1879 (Arthropoda), *Marpissa lubomirskii* Taczanowski, 1879 (Arthropoda), *Pipreola lubomirskii* Taczanowski, 1879 (Chordata), *Nenia lubomirskii* Poliński, 1922 (Mollusca).

Po śmierci Władysława E. Lubomirskiego kolekcja malakologiczna została przekazana do Polskiego Państwowego Muzeum Przyrodniczego w Warszawie (obecnie Muzeum i Instytut Zoologii Polskiej Akademii Nauk). Antoni Wagner (dyrektor warszawskiego muzeum w latach 1921–1928) w raporcie z działalności muzeum za lata 1919–1921 napisał: „Dary. Stefan ks. Lubomirski (Kruszyna): wielki zbiór malakologiczny ś. p. Władysława Lubomirskiego, zawierający około 8000, w znacznej części bardzo rzadkich gatunków mięczaków z całego świata, ponad 40000 okazów, umieszczonych w 5 szafach mahoniowych z 130 szufladami”. Kolekcja malakologiczna Władysława Emanuela Lubomirskiego zachowała się do dzisiaj i jest dostępna w Muzeum i Instytucie Zoologii PAN.

**NIEPUBLIKOWANE DANE O STANOWISKACH *CEPAEA*
VINDOBONENSIS (FÉRUSSAC, 1821) W POLSCE**

DOMINIKA MIERZWA-SZYMKOWIAK¹, Jarosław J. Maćkiewicz²

¹Muzeum i Instytut Zoologii, Polska Akademia Nauk, Warszawa

²Chełmska 85 m. 11, 95-100 Zgierz

W latach 2010-2015 przeprowadzono badania terenowe, w trakcie których stwierdzono nowe stanowiska *Cepaea vindobonensis* w Polsce. Gatunek został zanotowany w Kotlinie Szczercowskiej (po raz pierwszy w całym mezoregionie) w 2010, w Burzeninie, na skarpie przy drodze Burzenin-Szynkielów, w dawnym miejscu eksploatacji wapienia. Miejsce objęte jest ochroną w ramach Zespołu Przyrodniczo-Krajobrazowego „Góry Wapienne” w obszarze Parku Krajobrazowego Międzyrzecza Warty i Widawki. Trzy lata później, w 2013, obserwowano *C. vindobonensis* również w rezerwacie przyrody „Winnica” w Wielkiej Wsi koło Burzenina. W tym samym roku gatunek stwierdzono także na Wyżynie Wieluńskiej, skąd znane są tylko dwa stanowiska opisane przez Bergera w 1958 i 1961 roku. Obecnie obserwacje były przeprowadzone w Działoszynie, na terenie porośniętym młodymi akacjami w pobliżu Cementowni Warta. Kolejne stanowiska, oddalone na południe od Wyżyny Wieluńskiej, zanotowano w 2011 w Wierzchowie, na ostańcach wapiennych w Dolinie Klucz wody i Prądniku Korzkiewskim, na zakrzewionej skarpie wzdłuż drogi w Dolinie Prądnika na Wyżynie Olkuskiej. Gatunek występuje powszechnie w tym mezoregionie. Pozostałe stanowiska zlokalizowano w dolinie Wisły. W 2012 *C. vindobonensis* wykazano w Małopolskim Przełomie Wisły, w Dobrym koło Kazimierza nad Wisłą, na skarpie porośniętej krzewami. W wymienionym mezoregionie gatunek był wielokrotnie notowany w dolinie Wisły, na odcinku Zawichost-Puławy. Badania prowadzono także w Kotlinie Warszawskiej, gdzie *C. vindobonensis* stwierdzono w 2013 w Czerwińsku nad Wisłą, na skarpie wiślanej, a także w podobnym środowisku porośniętej skarpy w Wyszogrodzie. Ponadto w 2015 stanowiska wyznaczono w Zakroczymiu między trasą S7 i portem lotniczym Warszawa-Modlin i w Izabelinie-Dziekanówku na tarasach zalewowych Wisły.

STRUKTURA GENETYCZNA GINĄCEGO GATUNKU, SKÓJKI GRUBOSKORUPOWEJ *UNIO CRASSUS* (PHILIPSSON, 1788), W RZEKACH POLSKI

MONIKA MIODUCHOWSKA¹, AGNIESZKA KACZMARCZYK¹,
KATARZYNA ZAJĄC², TADEUSZ ZAJĄC², JERZY SELL¹

¹ Katedra Genetyki, Wydział Biologii, Uniwersytet Gdański, Gdańsk

² Instytut Ochrony Przyrody, Polska Akademia Nauk, Kraków

Struktura przestrzenna zmienności genetycznej gatunków, w tym także europejskich małży słodkowodnych, kształtowana jest zarówno przez ich historię ewolucyjną, jak i współczesne zjawiska demograficzne. Wiadomo, że większość gatunków wykazuje strukturę genetyczną na obszarze zasięgu geograficznego.

Obiektem niniejszych badań jest zagrożony wyginięciem i objęty ochroną ścisłą, z wymogiem ochrony czynnej, słodkowodny gatunek małża, skójka gruboskorupowa *Unio crassus* (Philipsson 1788). Oceniano zmienność oraz zróżnicowanie genetyczne populacji *U. crassus* w rzekach Polski; dokonano wglądu w strukturę genetyczną gatunku oraz czynniki wpływające na jej ukształtowanie; testowano użyteczność genomu mtDNA typu M (fragment *Mcox1*) w analizach filogeograficznych; zidentyfikowano jednostki ochrony *U. crassus* w Polsce.

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

Stwierdzono, że *U. crassus* wykazuje przestrzenną strukturę genetyczną w rzekach Polski, zasadniczo zgodną na poziomie niezależnych kategorii markerów genetycznych. Zaobserwowano głęboki podział badanych populacji na dwa klady (linie ewolucyjne, wywodzące się najprawdopodobniej z różnych refugium glacialnych): północny (populacje z rzek nizinnych) i południowy (populacje z rzek górskich). Natomiast w Polsce centralnej stwierdzono strefę kontaktu obu linii ewolucyjnych *U. crassus*. Analiza struktury genetycznej, na poziomie loci mikrosatelitarnego DNA, ujawniła podział niższego rzędu w kładzie południowym na grupy osobników z dorzecza Dunaju i dorzecza Wisły, co jest wynikiem ich izolacji i względnie niedawnych zmian struktury genetycznej. Niemniej, wykazano również, że wszystkie badane populacje *U. crassus* są w różnym stopniu izolowane, a ich zmienność genetyczna jest współcześnie kształtowana zgodnie z modelem izolacji przez dystans.

Zarówno wzory rozmieszczenia zmienności genetycznej, jak i wyniki testów neutralności, są charakterystyczne dla zjawisk ekspansji przestrzennej oraz demograficznej i stanowią poparcie hipotezy o postglacialnej kolonizacji Polski przez dwie różne linie ewolucyjne *U. crassus*. Grupy populacji reprezentujące te linie zasługują na status głównych jednostek ochrony, tj. jednostek istotnych ewolucyjnie (ang. *Evolutionary Significant Units*; ESU). Populacje, mające własną historię ewolucyjną, są szczególnie cenne w kontekście konserwatorskim.

ŚLIMAKI JAKO BIOINDYKATORY ZANIECZYSZCZENIA ŚRODOWISKA: WPŁYW POLA ELEKTROMAGENTYCZNEGOANNA NOWAKOWSKA¹, JUSTYNA ROGALSKA¹, JOANNA WYSZKOWSKA²¹Zakład Fizjologii Zwierząt, ²Zakład Biofizyki, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Toruń

Pole elektromagnetyczne (EMF), jako naturalny czynnik środowiskowy, wpływa na rytmikę dobową i okołoroczną wielu organizmów. Jednak z uwagi na różną wrażliwość organizmów na bodźce, zanieczyszczenie środowiska dodatkowymi czynnikami elektrycznymi wpływa niekorzystnie na ich funkcjonowanie. Pole elektromagnetyczne zaburza reakcje chemiczne zachodzące w komórkach a, powodując zwiększoną syntezę wolnych rodników, może wywoływać stres oksydacyjny. Pole elektromagnetyczne przedłuża bowiem występowanie wolnych rodników w komórkach i zmienia aktywność niektórych enzymów antyoksydacyjnych. Jego wpływ zależy od zakresu częstotliwości sygnału, amplitudy i długości fali. Ponieważ wciąż brak wystarczającej wiedzy na temat działania pola elektromagnetycznego na organizm człowieka oraz jego wpływu na funkcjonowanie poszczególnych układów organizmu, poszukuje się zwierząt, które mogłyby służyć jako organizmy modelowe do badania tego problemu. Z uwagi na to, że ślimaki z powodzeniem wykorzystywane są jako bioindykatory zanieczyszczenia środowiska, podjęto próbę analizy wpływu pola elektromagnetycznego na ich status obrony antyoksydacyjnej.

W badaniach wykorzystano ślimaki winniczki (*Helix pomatia*) pochodzące z dwóch miejsc ich naturalnego występowania: 1) z terenu uznanego za ekologicznie czysty, z dala od urządzeń transportujących prąd, tzw. linii wysokiego napięcia, oraz 2) z terenu położonego bezpośrednio pod linią wysokiego napięcia. Każdą z grup (n=20) podzielono na dwie podgrupy: i) osobniki kontrolne, ii) osobniki, które poddano ekspozycji na pole elektromagnetyczne w warunkach laboratoryjnych. W tym celu wykorzystano solenoid o wewnętrznej średnicy 19 cm i długości 21 cm, wytwarzający sinusoidalne pole o dominującej składowej magnetycznej. EMF charakteryzowało się częstotliwością $f=50$ Hz i indukcją magnetyczną $B=7$ mT. Dla grupy kontrolnej wykorzystano zestaw imitujący ekspozycję, ale bez obecności EMF (Bieńkowski i Wyszowska, 2015; Trawiński, 2010). Po zakończeniu ekspozycji, od każdego osobnika pobierano do badań nerkę i wątrobotrzustkę i badano aktywność wybranych enzymów antyoksydacyjnych: katalazy (CAT), selenozależnej peroksydazy glutationowej (Se-GPX) oraz transferazy glutationowej (GST), jak również stężenie zredukowanego glutationu (GHS). Jako wyznacznik uszkodzeń lipidów błonowych i białek oznaczano stężenia aldehydu malonowego (MDA) oraz grup karbonylowych białek (CP).

Aktywność badanych enzymów antyoksydacyjnych w grupie ślimaków żyjących w warunkach naturalnych, w środowisku z dala od urządzeń elektrycznych czyli źródeł pola elektromagnetycznego, była jednak znacznie wyższa niż u ślimaków żyjących pod linią wysokiego napięcia. Ponadto, podgrupa kontrolna z ekologicznie czystego terenu wykazywała wyższe stężenie markerów stresu oksydacyjnego niż grupa kontrolna spod linii wysokiego napięcia. Ekspozycja na EMF ślimaków pochodzących z czystego terenu nie wywołała zmian aktywności CAT, ani Se-GPX, ale spowodowała spadek aktywności GST w nerce. U obu podgrup, kontrolnej i eksponowanej na EMF,

stężenie GSH było wyższe w wątrobotrzustce niż w nerce. Ekspozycja na EMF nie wywołała wzrostu uszkodzeń ani lipidów błonowych (MDA), ani białek (CP). Ślimaki żyjące w warunkach naturalnych pod linią wysokiego napięcia, poddane dodatkowo ekspozycji na EMF w laboratorium, nie wykazały zmian aktywności CAT. Zaobserwowano jednak wzrost aktywności Se-GPX w nerce i spadek aktywności GST w wątrobotrzustce. Ekspozycja na pole nie wywołała zmian stężenia GSH ani wzrostu uszkodzeń określanych na podstawie stężenia MDA i CP.

Przeprowadzone dotychczas badania nie pozwalają stwierdzić, czy pole elektromagnetyczne niskiej częstotliwości wpływa negatywnie na organizm żywy, dlatego też zaplanowano dalsze doświadczenia. Biorąc jednak pod uwagę istotne statystycznie różnice w aktywności badanych enzymów u grup kontrolnych pochodzących z różnych środowisk należy przypuszczać, że na grupę ślimaków żyjących w terenie uznawanym za ekologicznie czysty działały inne nie badane przez nas czynniki, które powodowały zmiany statusu antyoksydacyjnego organizmu.

**WPLYW HISTORII GEOLOGICZNEJ REGIONU NA
STRUKTURĘ GENETYCZNA I ZMIENNOŚĆ
MORFOLOGICZNA W POPULACJACH ŚLIMAKÓW Z
RODZAJU *BYTHINELLA* NA BAŁKANACH I W BASENIE
MORZA EGEJSKIEGO**

ARTUR OSIKOWSKI¹, SEBASTIAN HOFMAN², ALEKSANDRA RYSIEWSKA²,
ANDRZEJ FALNIOWSKI²

¹Zakład Anatomii Zwierząt, Instytut Nauk Weterynaryjnych, Uniwersytet Rolniczy im.
Hugona Kołłątaja, Kraków

²Instytut Zoologii, Uniwersytet Jagielloński, Kraków

Fauna zamieszkująca źródła jest interesującym obiektem dla badań nad różnymi aspektami biologii ewolucyjnej ze względu na analogie do organizmów zamieszkujących izolowane wyspy. Przykładem są tutaj przedstawiciele rodzaju *Bythinella* (źródłarka), czyli bardzo małe, słodkowodne, rozdzielnopłciowe ślimaki przodoskrzelne, zamieszkujące środkową i południową Europę oraz Azję Mniejszą. Typowym środowiskiem ich życia są właśnie źródła oraz wody podziemne. Celem prezentowanych badań było rozszerzenie wiedzy o rozmieszczeniu rodzaju *Bythinella* na Bałkanach (w Bułgarii i Grecji kontynentalnej) oraz w basenie Morza Egejskiego, w tym Anatolii. W tym celu zebrano próbki z 34 nowych stanowisk. Analizowano cechy morfologiczne (kształt muszli, budowa męskich i żeńskich narządów rozrodczych) oraz genetyczne (zmienność dwóch markerów genetycznych, mitochondrialnego COI oraz jądrowego ITS-1). Otrzymane wyniki zostały połączone z istniejącymi danymi dotyczącymi tego taksonu na badanych terenach. Badania zmienności genetycznej pozwoliły na wyróżnienie pięciu głównych kładów *Bythinella* w Bułgarii oraz siedmiu w Grecji i basenie Morza Egejskiego.

Otrzymane wzorce filogeograficzne źródlarek zostały następnie przeanalizowane w świetle obecnego stanu wiedzy o przeszłości geologicznej i klimatycznej badanego obszaru. Pozwoliło to na wyciągnięcie pewnych ogólnych wniosków. Zróznicowanie rodzaju *Bythinella* w obecnej Bułgarii jest prawdopodobnie wynikiem wpływu zlodowaceń plejstoceniowych, Kryzysu Messyńskiego oraz przejściowej obecności na tym terenie Basenu Dackiego. Odmienność populacji żyjących w południowo-zachodniej Anatolii od pozostałych źródlarek zamieszkujących basen Morza Egejskiego jest efektem izolacji ekologicznej, wywołanej ponownym wypełnieniem wodą Morza Śródziemnego po Kryzysie Messyńskim, które nastąpiło ok. 5,3 mln. lat temu. Generalnie, stopień zróznicowania genetycznego pomiędzy populacjami kontynentalnymi i zamieszkującymi wyspy był zbliżony, co sugeruje, że zarówno ląd, jak i woda morska, w podobnym stopniu tworzą barierę ograniczającą przepływ genów pomiędzy populacjami źródlarek. Jednym z interesujących wyników prezentowanych badań jest także odkrycie "gorącego punktu ewolucyjnego" (*hotspot*) rodzaju *Bythinella* w centralnej Grecji.

Źródło finansowania: DS-3253/ZAZ

**IDENTYFIKACJA NOWEJ GRUPY AKWAPORYN
(MALAKOAKWAPORYN) CHARAKTERYSTYCZNYCH
WYŁĄCZNIE DLA MIĘCZAKÓW**

JOANNA R. PIEŃKOWSKA, EWA KOSICKA, SYLWIA KRÓLIKOWSKA, HANNA
KMITA, ANDRZEJ LESICKI

Zakład Biologii Komórki, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Wydział Biologii,
Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Poznań

Akwaporyny są białkami budującymi kanały wodne w błonach biologicznych. Należą do rodziny białek MIP (*Membrane Intrinsic Proteins*). Białka te można podzielić na dwie rodziny: akwaporyny klasyczne (AQP), transportujące zgodnie z gradientem stężeń głównie wodę, oraz akwagliceroporyny (AQGP), transportujące dodatkowo inne małe elektrycznie neutralne cząsteczki, takie jak glicerol. MIP zostały zidentyfikowane zarówno w organizmach eukariotycznych, jak i prokariotycznych. Charakterystyczna jest obecność kilku różnych białek z rodziny MIP w pojedynczym organizmie. Białka te różnią się między sobą rodzajem transportowanej substancji, prędkością transportu, jak i tkankowo – lub organo-specyficznym miejscem ekspresji kodujących je genów. Wszystkie białka MIP mają wspólny plan budowy: 6 domen transbłonowych i 5 łączących je pętli. Charakterystyczne dla AQP elementy strukturalne, decydujące o selektywności transportu, to wyściełające por dwa konserwatywne motywy NPA oraz czteroaminokwasowy filtr selektywności (FS).

Najlepiej zbadanymi białkami MIP są kanały zlokalizowane u ssaków. Spośród bezkręgowców najlepiej zbadane pod tym względem są owady. Tymczasem spośród białek MIP akwaporyny mięczaków są zdecydowanie jednymi z najslabiej dotąd poznanych. Wyniki analizy filogenetycznej akwaporyn scharakteryzowanych u różnych gatunków zwierząt pozwalają na bardziej szczegółowy podział rodziny MIP na 4 podrodziny: AQP1-like, AQP3-like, AQP8-like oraz AQP12-like (od nazw akwaporyn ssaczych). Wszystkie analizowane sekwencje MIP zazwyczaj umiejscawiają się w jednej z tych czterech podrodzin. Są jednak wyjątki od tej reguły. Takim odstępstwem jest utworzenie przez niektóre białka MIP, zidentyfikowane u mięczaków, dodatkowej podrodziny. Grupę tę tworzą akwaporyny zidentyfikowane u *Crassostrea gigas* (Thunberg, 1793) (dwa białka), *Lottia gigantea* (Sowerby I, 1834) (jedno białko), *Helix pomatia* L. (jedno białko) oraz *Planorbarius corneus* (L.) (jedno białko). Ze względu na organizmy, z których pochodzą sekwencje MIP tworzące tę podrodzinę, specyficzną wyłącznie dla mięczaków, nazwaliśmy ją malakoakwaporynami (Maqp). Analiza bioinformatyczna sekwencji aminokwasowych białek z podrodziny Maqp pozwoliła określić motywy NPA oraz strukturę FS. Na szczególną uwagę zasługuje różnorodność struktury aminokwasowej FS zidentyfikowanego pośród białek Maqp: TVGR – *C. gigas*, AIGR – *C. gigas*, SIAR – *L. gigantea*, CIAR – *H. pomatia* oraz AVSR – *P. corneus*. Dodatkowo wykonaliśmy eksperymenty udowadniające funkcjonalność Maqp zlokalizowanych u *H. pomatia* i *P. corneus* jako kanałów transportujących wodę oraz wykluczających możliwość transportu przez nie glicerolu.

Badania finansowane z grantu NCN numer DEC-2011/01/B/NZ4/00630

**PLASTYCZNOŚĆ FENOTYPOWA I BRAK BARIER
ROZRODCZYCH MIĘDZY DWOMA MORFOLOGICZNYMI
FORMAMI *TROCHULUS HISPIDUS*
(GASTROPODA: HYGROMIIDAE)**

MAŁGORZATA PROCKÓW¹, ELŻBIETA KUŹNIK-KOWALSKA²,
PAWEŁ MACKIEWICZ³

¹Muzeum Przyrodnicze, Wydział Nauk Biologicznych, Uniwersytet Wrocławski,
Wrocław

²Zakład Systematyki i Ekologii Bezkręgowców, Uniwersytet Przyrodniczy, Wrocław

³Zakład Genomiki, Wydział Biotechnologii, Uniwersytet Wrocławski, Wrocław

Wiele gatunków ślimaków z rodzaju *Trochulus* wykazuje olbrzymią zmienność morfologiczną, a ich taksonomia pozostaje niejasna. W szczególności dotyczy to dwóch form o różnych kształtach muszli, często traktowanych jako oddzielne gatunki, tj. *T. hispidus* i *T. plebeius*. Ten drugi bywa też uważany za synonim *T. sericeus*. W celu określenia, jak bardzo te dwie sympatryczne formy są izolowane rozrodczo, przeprowadzono eksperymentalne krzyżówki laboratoryjne. Ponadto, aby przetestować przewidywany model dywergencji dotyczący plastyczności fenotypowej w warunkach laboratoryjnych, porównano morfologię muszli u potomstwa pochodzącego z dwóch pokoleń z ich „dzikimi” rodzicami. Wyniki ujawniły, że obie formy nie wykazują barier rozrodczych. Płodność, średnia wielkość złoju i żywotność potomstwa F₁ pomiędzy wszystkimi rodzajami krzyżówek nie różniły się statystycznie, jednakże pary złożyły różną liczbę jaj, a pary kontrolne więcej niż eksperymentalne. Podobnie, między krzyżówkami hybrydowymi w pokoleniu F₂ zaobserwowano zgodność rozrodczą, podobną płodność i sukces wylęgu jak u krzyżówek rodzicielskich. Zgodnie z tym analizy filogenetyczne wykazały istotne grupowanie sekwencji pochodzących z różnych form i potwierdziły brak izolacji rozrodczej między nimi. Ustalono również dużą plastyczność cech morfologicznych muszli w laboratorium. Przeciętny kształt formy *hispidus* znacząco uległ zmianie, tj. płaska muszla z szerokim dołkiem osiowym w ciągu jednego pokolenia zmieniła kształt na bardziej kulistą lub nawet wyniesioną z wąskim dołkiem, tym samym przypominając formę *sericeus/plebeius*. Otrzymane wyniki wskazują, że badane formy nie stanowią odrębnych gatunków, a proces ewolucyjny nie posunął się do tego stopnia, aby pule genowe zostały rozdzielone. Dlatego sugerujemy, że w tym przypadku znaczącą rolę w ewolucji polimorfizmu muszli mogła odegrać plastyczność fenotypowa. Formy te prawdopodobnie wyewoluowały niezależnie w oddzielnych liniach filogenetycznych pod wpływem lokalnych warunków środowiskowych.

**PIŻMAK *ONDATRA ZIBETHICUS* ODKRYWCĄ OBECNOŚCI
SZCZEŻUI CHIŃSKIEJ *SINANODONTA WOODIANA*
W WIŚLE W WARSZAWIE**

JERZY ROMANOWSKI¹, MICHAŁ WINCZEK^{1,2}

¹Wydział Biologii i Nauk o Środowisku, Uniwersytet Kardynała Stefana Wyszyńskiego,
Warszawa

²Koło Biologów Terenowych Uniwersytetu Kardynała Stefana Wyszyńskiego,
Warszawa

Piżmak *Ondatra zibethicus* jest jednym ze ssaków silnie powiązanych ze środowiskami wodnymi i nadwodnymi. Jego dietę stanowią rośliny wodne i nadwodne, a także małże, żaby i raki. Świadectwem żerowania piżmaków są liczne puste połówki muszli *Bivalvia*, powiązane wiązadłem, leżące na brzegu rzek i jezior. W dniu 29 VI 2016 wśród licznych muszli skójki zaostrożonej *Unio tumidus*, wyniesionych przez piżmaka na lewym brzegu Wisły w pobliżu Mostu im. gen. Stefana Grota Roweckiego w Warszawie (52°17'07"N 20°59'42"E), odnaleziono dwie połówki muszli szczieżui chińskiej *Sinanodonta woodiana*. Dalsze poszukiwania muszli tego gatunku prowadzono w lipcu i sierpniu 2016 na obu brzegach Wisły w granicach Warszawy. Dodatkowo próby pobierano z dna rzeki i starorzeczy (do głębokości ok. 40 cm), korzystając z metalowego sita o średnicy 20 cm. Muszle *S. woodiana* znajdowano na lewym i prawym brzegu badanego odcinka Wisły. Łącznie na brzegu zebrano 7 kompletnych muszli i 12 połówek, a także wyłowiono z dna rzeki trzy żywe osobniki.

S. woodiana jest inwazyjnym gatunkiem, którego pierwotny areal geograficzny stanowi wschodnia Azja. Do Polski została zawleczona z Węgier, z narybkiem, w połowie lat 80. XX wieku i od tego czasu zasiedla system podgrzanych jezior i kanałów konińskich (Zdanowski i in. 1996). Dalsze badania udokumentowały obecność gatunku na kilkunastu stanowiskach, m. in. w Wielkopolsce (Głowaciński i in. 2011). W centralnej Polsce, w szczególności w Wiśle, gatunek nie był dotąd notowany. Wcześniejsze stwierdzenia *S. woodiana* w Polsce wiązano z transportem ryb hodowlanych, jednak obecność tego małża w wodach środkowej Wisły może wskazywać na możliwość jego naturalnego rozprzestrzeniania się wzdłuż cieków wodnych. W tej sytuacji wskazane są dalsze badania nad rozprzestrzenieniem się *S. woodiana* w dorzeczu Wisły. Doświadczenia autorów prowadzone na warszawskich brzegach Wisły wskazują, że wartościowym uzupełnieniem stosowanych w tym celu typowych ilościowych metod badania małży mogą być obserwacje miejsc żerowania piżmaków.

**WYSTĘPOWANIE I LICZEBNOŚĆ WSTĘŻYKA GAJOWEGO
CEPAEA NEMORALIS (L.) W KRAJOBRAZIE WIEJSKIM:
ISTOTNOŚĆ SKALI PRZESTRZENNEJ, AKTYWNOŚCI
CZŁOWIEKA I PRESJI DRAPIEŻNICZEJ**

ZUZANNA M. ROSIN¹, ZBIGNIEW KWIECIŃSKI², ANDRZEJ LESICKI¹,
PIOTR SKÓRKA³, PIOTR TRYJANOWSKI²

¹Zakład Biologii Komórki, Instytut Biologii Eksperymentalnej,
Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Poznań

²Instytut Zoologii, Uniwersytet Przyrodniczy, Poznań

³Instytut Ochrony Przyrody, Polska Akademia Nauk, Kraków

Wstężyk gajowy *Cepaea nemoralis* (L.) jest jednym z najlepiej zbadanych organizmów na świecie. Jednakże, wiedza na temat czynników środowiskowych kształtujących jego występowanie i liczebność w skali krajobrazu, siedliska i mikrosiedliska nadal jest niekompletna. Gatunek ten wydaje się doskonałym organizmem modelowym do badań z zakresu ekologii krajobrazu, antropopresji i relacji drapieżnik-ofiara. Nie przeprowadzono dotąd badań integrujących czynniki działające na różnych poziomach skali przestrzennej oraz o różnym charakterze (biotycznym, abiotycznym), mających na celu wyjaśnienie występowania i liczebności ślimaków lądowych. Co więcej, mimo znacznego zaawansowania badań nad funkcjonowaniem metapopulacji, w pracach podejmujących tę tematykę rzadko brano pod uwagę wpływ aktywności człowieka i jej interakcje z presją drapieżniczą.

Celem niniejszych badań było przetestowanie: 1) relacji pomiędzy obecnością i liczebnością kolonii wstężyka gajowego a zmiennymi środowiskowymi o różnej skali przestrzennej (krajobrazu, siedliska i mikro-siedliska), 2) założenia, że aktywność człowieka może modyfikować relacje pomiędzy *C. nemoralis* i jego drapieżnikami (drozdami *Turdus* spp. i drobnymi ssakami), 3) relacji pomiędzy liczebnością drapieżników i presją drapieżniczą a czynnikami środowiskowymi związanymi ze strukturą krajobrazu i siedliska.

Na poziomie krajobrazu obecność kolonii wstężyka gajowego była pozytywnie skorelowana z udziałem nieużytków i długością dróg w promieniu 100 m. Liczebność drozdów była pozytywnym predyktorem obecności kolonii *C. nemoralis*, ale tylko w miejscach charakteryzujących się wysokim poziomem antropopresji, oraz negatywnym predyktorem liczebności wstężyka, ale tylko w miejscach o niskiej aktywności ludzkiej. Ponadto liczebność kolonii była pozytywnie związana z wielkością płatu siedliska, długością dróg w promieniu 100 m i presją drapieżniczą ze strony ptaków, oraz negatywnie – z udziałem lasów w promieniu 100 m. Na poziomie mikrosiedliska obecność i liczebność ślimaków były negatywnie skorelowane z udziałem suchej roślinności i odległością do najbliższego drzewa lub krzewu, oraz pozytywnie zależne od wysokości roślinności zielnej. Presja drapieżnicza ze strony drozdów była negatywnie związana z udziałem zabudowy oraz lasów w otaczającym krajobrazie, natomiast presja ze strony drobnych ssaków była pozytywnie zależna od liczebności kolonii *C. nemoralis* i aktywności człowieka.

Rozmieszczenie i liczebność kolonii wstężyka gajowego w pofragmentowanym krajobrazie wiejskim są kształtowane przez różne czynniki

środowiskowe związane ze strukturą krajobrazu, siedliska i mikrosiedliska. Istnieją istotne zależności pomiędzy obecnością i liczebnością *C. nemoralis* a liczebnością jego drapieżników i presją drapieżniczą. Człowiek korzystnie wpływa na obecność i liczebność wstężyka gajowego poprzez tworzenie dogodnych siedlisk oraz ograniczanie presji drapieżniczej ze strony ptaków. Na poziomie mikrosiedliska ślimaki są zależne od typu podłoża i obecności elementów dających schronienie.

Badania były finansowane z grantu Narodowego Centrum Nauki nr 2011/01/N/NZ8/02015

**PONTOBELGRANDIELLA: NIEDAWNY IMIGRANT CZY
EMIGRANT Z WÓD PODZIEMNYCH?**

ALEKSANDRA RYSIEWSKA

Instytut Zoologii, Uniwersytet Jagielloński, Kraków

Sekwencjonowano fragment mitochondrialnego DNA: oksydazę cytochromową, podjednostkę I (COI) wszystkich gatunków nominalnych *Belgrandiella* Wagner, 1927 i *Pontobelgrandiella* Radoman, 1973, opisanych dotąd z Bułgarii. Ślimaki zostały zebrane z 16 stanowisk. Zarówno morfologia, jak i sekwencje mitochondrialnego COI oraz jądrowego 18S wykluczyły występowanie rodzaju *Belgrandiella* w Bułgarii. Wszystkie zbadane populacje należą do rodzaju *Pontobelgrandiella*. Zbadano 60 sekwencji, a wśród nich zidentyfikowano jedenaście haplotypów COI (zróżnicowanie haplotypów $Hd = 0,870$). Zmienność w obrębie badanych bułgarskich populacji była niska, różnorodność nukleotydów wynosiła 0,0078 i stwierdzono 14 pozycji zmiennych. Z wyjątkiem jednego stanowiska, na którym stwierdzono obecność dwóch haplotypów, na każdym z pozostałych stanowisk znaleziono pojedynczy haplotyp, a więc stwierdzono zupełny brak polimorfizmu. Haplotypy tworzą cztery kłady, a różnice pomiędzy nimi są niewielkie (p -distance = 0,7-1,5%). Kład I reprezentowany przez osiem populacji, znalezionych w górach Bałkanach, odznacza się największym zróżnicowaniem sekwencji (pięć haplotypów, $p = 0,6-1,2\%$, czyli 3-6 mutacje punktowe). Kład II reprezentowany jest przez pojedynczy haplotyp, znaleziony w dwóch populacjach w znacznej odległości od siebie. Kład III, w obrębie którego znaleziono trzy haplotypy, i kład IV, z dwoma haplotypami, zostały znalezione blisko siebie. Analiza głównych składowych (PCA) dla siedmiu parametrów muszli wykazała, że przy znacznej zmienności o zachodzących zakresach molekularnie wyodrębniające się kłady różnią się także morfometrią muszli. Brak polimorfizmu może odzwierciedlać efekt założyciela, bottleneck podczas kolejnych lokalnych wymierań i/lub drastycznego ograniczenia liczebności populacji, lecz może też być wynikiem silnej selekcji. Genetyczne odległości p między kładami 0,7-1,5%, mogłyby wskazywać czas dywergencji od 0,38-0,43 Mya do 0,81-0,92 Mya. Stąd dywergencja miała miejsce w plejstocenie, a konkretniej w kalabrianie i środkowym plejstocenie. To sugeruje niedawną adaptację do troglobiontyzmu i siedlisk stygobiontycznych u *Pontobelgrandiella*. Kalabrian i środkowy plejstocen byłyby czasem przejścia *Pontobelgrandiella* do wód podziemnych, co mogło być związane z plejstocenijskimi wahaniem warunków klimatycznych. Warto zauważyć, że choć *Pontobelgrandiella* należy do całkowicie odrębnego kładu, jak dotąd wykazanego jedynie z wód powierzchniowych Bułgarii, to w odróżnieniu od pozostałych reprezentantów tego kładu trafia się nierzadko na powierzchni, w źródłach, choć nie wiemy, czy trafia tam okazjonalnie wypłukana, czy też to jej naturalnie siedlisko. W tym drugim przypadku silna selekcja na powierzchni powodowałaby niewielkie zróżnicowanie genetyczne tych populacji.

**SINANODONTA WOODIANA Z RODZIMYMI UNIONIDAE
W DOLNYM BIEGU ODRY**

AGNIESZKA SZLAUER-ŁUKASZEWSKA¹, MARIA URBAŃSKA², WOJCIECH
ANDRZEJEWSKI³, HENRYK GIERSZAL⁴

¹Katedra Zoologii Bezkręgowców i Limnologii, Uniwersytet Szczeciński, Szczecin

²Zakład Zoologii, Instytut Zoologii, Uniwersytet Przyrodniczy, Poznań

³Zakład Rybactwa Śródlądowego i Akwakultury, Instytut Zoologii, Uniwersytet
Przyrodniczy, Poznań

⁴Zakład Informatyki Stosowanej, Wydział Fizyki, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza,
Poznań

Rozprzestrzeniająca się na obszarze całej Europy *Sinanodonta woodiana* była dotychczas stwierdzana w Polsce przede wszystkim w zbiornikach stojących, głównie w stawach rybnych. W przeciwieństwie do innych krajów Europy w Polsce nie było informacji o jej obecności w rzekach. W 2015 skontrolowano dolny bieg rzeki Odry oraz ujście Warty i stwierdzono po raz pierwszy występowanie szczeżui chińskiej. Było to możliwe dzięki długotrwałej suszy, która doprowadziła do rekordowych spadków poziomu wód w większości zbiorników śródlądowych, co umożliwiło zastosowanie innych metod. Na czterech wytypowanych stanowiskach znaleziono 18 żywych szczeżuj chińskich, których długość muszli wahała się od 38-118 mm. *S. woodiana* osiągała niskie zagęszczenia, od 0,5 do 2,6 osobników/m², i współwystępowała z rodzimymi gatunkami Unionidae, spośród których dominowały: *Anodonta anatina*, *Unio tumidus*, *U. pictorum* i *Pseudanodonta complanata*. Procentowy udział w zgrupowaniu *S. woodiana* wahał się od 1,85 do 6,1%, a biomasa - od 3,64 do 26,15%.

Uzyskane wyniki świadczą, że szczeżuja chińska od wielu lat zasiedla Odrę, nie osiągając znaczących liczebności oraz biomasy. Być może warunki siedliskowe nadal są bardziej optymalne dla rodzimych gatunków Unionidae. Możliwość współwystępowania tych gatunków jest również możliwa dzięki zróżnicowanemu charakterowi dna, stwarzającemu dogodne warunki dla gatunków o odmiennych wymaganiach siedliskowych. Badania potwierdzają również, że gatunek ten sprawnie się rozprzestrzenia, kolonizując wody różnego typu w całej Polsce, co w przyszłości może prowadzić do pojawiania się licznych jego populacji.

**MIĘCZAKI Z OSADÓW JASKINI PERSPEKTYWICZNEJ,
WYŻYNA KRAKOWSKO-CZĘSTOCHOWSKA**

MARCIN SZYMANEK¹, MACIEJ T. KRAJCARZ², MAGDALENA KRAJCARZ³,
MAGDALENA SUDOŁ³

¹Wydział Geologii, Uniwersytet Warszawski

²Instytut Nauk Geologicznych, Polska Akademia Nauk

³Instytut Archeologii, Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Toruń

Jaskinia Perspektywiczna (N 50°26'33.5", E 19°46'1.5") położona jest w okolicach wsi Poręba Dzierżna, w dolinie potoku Udorka, w centralnej części Wyżyny Krakowsko-Częstochowskiej, około 80 km na SE od Częstochowy. Badania malakologiczne podjęto w profilu namuliska Udórz V (opróbowanym w latach 2013-2014), w strefie przyotworowej jaskini, przy jej dolnym wylocie, obejmującym: próchniczne gliny pylaste z gruzem, akumulowane w późnym holocenie (warstwy 1, 2); gliny pylaste z gruzem, reprezentujące holocen wczesny/środkowy (3, 4); lessy (5, 6), gliny pylaste z gruzem (7, 8) oraz rumosz gruzowy z przewarstwieniami gliny pylastej lub lessu (9), wstępnie korelowane z plejstocenem (MIS 2). Na obecnym etapie badań odsłonięto 4,5 m osadów. Wyniki prezentowane są dla 52 próbek reprezentujących wszystkie z 9 wyróżnionych warstw.

W badanych próbkach oznaczono łącznie 1237 okazów należących do 57 taksonów, w tym 46 gatunków ślimaków lądowych i jednego małża. Pojedyncza muszla *Pisidium casertanum*, towarzysząca jej łuska ryby oraz cechy sedimentacyjne warstwy 9 mogą wskazywać na okresowe zalewanie jaskini przez Udorkę. W najniższej części profilu notowane są również podwyższone frekwencje *Succinella oblonga*, często spotykanej w pobliżu wody i na okresowo zalewanych łąkach. Warstwy 9 i 8 zdominowane są przez muszle *Discus ruderatus* i *Vallonia pulchella* z towarzyszącym im reliktem glacialnym *Vallonia tenuilabris*. Fauna ta jest typowa dla zbiorowisk typu tajgi z licznymi siedliskami otwartymi. W wyższej części profilu przeważają gatunki środowisk zacienionych, z podwyższoną liczebnością wilgociolubnego ślimaka *Vitrea crystallina* w warstwie 6 i 4, oraz z wyraźnym poziomem wzbogaconym w muszle *Discus rotundatus*, *Discus perspectivus* i *Aegopinella pura* (warstwa 4), wskazującym prawdopodobnie na optimum klimatyczne holocenu – fazę atlantycką. Ze względu na niską frekwencję muszli w obejranych dotychczas próbkach z górnej części profilu rekonstrukcja zmian środowiskowych w późnym holocenie jest utrudniona i wymaga przestudiowania dalszego materiału.

Badania były finansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki, projekt nr 2014/15/D/HS3/01302

KOGO „BARDZIEJ LUBI” RACICZNICA ZMIENNA?

MARIA URBAŃSKA¹, WOJCIECH ANDRZEJEWSKI², HENRYK GIERSZAL³

¹Zakład Zoologii, Instytut Zoologii, Uniwersytet Przyrodniczy, Poznań

²Zakład Rybactwa Śródlądowego i Akwakultury, Instytut Zoologii, Uniwersytet
Przyrodniczy, Poznań

³Zakład Informatyki Stosowanej, Wydział Fizyki, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza,
Poznań

Racicznica zmienna (*Dreissena polymorpha*) jest jednym z najlepiej znanych gatunków inwazyjnych, których introdukcje wywoływały zakłócenia w wielu słodkowodnych ekosystemach. Populacje racicznicy mogą mieć zarówno bezpośredni jak i pośredni wpływ na zasiedlane ekosystemy i dotyczyć ekologii, biochemii, bioróżnorodności oraz ekonomii. Poważnym, obserwowanym problemem jest zanik rodzimych gatunków małży Unionoida. Pojawienie się racicznicy wpływa negatywnie na populacje rodzime poprzez traktowanie ich muszli jako podłoża do przyczepiania się, w wyniku czego pogarszają się możliwości filtracyjne, możliwości przemieszczania się (mobilność) i zakopywania oraz uszkodzeniu ulega muszla.

Celem badań było określenie, czy istnieje różnica w dostępności do rodzimego i inwazyjnego gatunku Unionidae przez *D. polymorpha*. Do badań w 2014 wybrano populacje współwystępujących ze sobą *Sinanodonta woodiana* i *Anodonta anatina* wraz z *D. polymorpha* w jeziorze Goslawskim. Małże skójkowate występowały na dnie piaszczystym i ich muszle stanowiły główny substrat wykorzystywany przez racicznice do przyczepienia się.

Małże były łowione przez pletwonurka. Po ich wyjęciu mierzono małże szczeżuj oraz wykonywano ich zdjęcia, które pozwoliły na analizę zarówno dostępnej dla racicznicy powierzchni muszli, jak i powierzchni aktualnie zasiedlonej przez racicznice. Racicznice również liczono.

Wykazano statystycznie istotne różnice w dostępności dla racicznicy powierzchni muszli u szczeżui pospolitej i chińskiej. Szczeżuja pospolita była mocniej obrośnięta przez racicznicy niż szczeżuja chińska i miała większą powierzchnię muszli dostępną dla racicznicy. W tym samym siedlisku tylko 25.5% (17,6-39,2) muszli *S. woodiana* wystaje z osadów dennych, przez co jest dostępna dla racicznicy, kiedy w przypadku muszli szczeżui pospolitej powierzchnia ta średnio wynosi 45,38% (24,6-64,4). Dane te wskazują, że chociaż muszle *S. woodiana* są wykorzystywane przez racicznice jako miejsce przyczepu, to dzięki silnemu zakopywaniu się w dno szczeżuja chińska jest lepiej chroniona przed negatywnym ich wpływem i po raz kolejny okazują się lepiej przystosowane od rodzimych gatunków, w tym przypadku *A. anatina*.

OBCY POŚRÓD RODZIMYCH – CZY JEST TO MOŻLIWE?

MARIA URBAŃSKA¹, MAŁGORZATA OŹGO², WOJCIECH ANDRZEJEWSKI³,
HENRYK GIERSZAL⁴

¹ Zakład Zoologii, Instytut Zoologii, Uniwersytet Przyrodniczy, Poznań

² Katedra Biologii Ewolucyjnej, Uniwersytet Kazimierza Wielkiego, Bydgoszcz

³ Zakład Rybactwa Śródlądowego i Akwakultury, Instytut Zoologii, Uniwersytet
Przyrodniczy, Poznań

⁴ Zakład Informatyki Stosowanej, Wydział Fizyki, Uniwersytet Adama Mickiewicza,
Poznań

Pochodząca z Azji szczeżuja chińska (*Sinanodonta woodiana*) od początku lat 80. rozprzestrzeniła się na obszarze całej Europy, w tym również w wodach Polski. Dotychczas w Polsce znana jest z ponad 30 stanowisk i ich liczba systematycznie wzrasta. Do dziś niewiele znamy przykładów współwystępowania rodzimych gatunków małży Unionidae ze szczeżują chińską, również niewiele wiemy o jej wpływie na rodzime gatunki małży. W literaturze można znaleźć doniesienia wskazujące na wypieranie rodzimych gatunków małży przez szczeżuję chińską, jednak geneza takich przypadków nie jest dokładnie poznana. Zazwyczaj pojawiają się wyjaśnienia mówiące o szybszym tempie wzrostu oraz większych możliwościach reprodukcyjnych *S. woodiana*, konkurencji pomiędzy glochidiami o te same gatunki ryb, będące żywicielami zarówno dla rodzimych małży, jak i szczeżui chińskiej, oraz o zwiększonej odporności na złe warunki siedliskowe, głównie większą tolerancję na wyższą temperaturę wody.

Odnalezienie kilku stanowisk, w których stwierdzono współwystępowanie *S. woodiana* z rodzimymi gatunkami Unionidae, stało się impulsem do zadania pytania o ich trwałość. Przedstawione przykłady są bardzo zróżnicowane pod względem warunków termicznych, siedliskowych oraz zespołów gatunków ze sobą współwystępujących i ich zagęszczeń. Przedstawione przykłady obejmują populacje małży z dwu stawów o naturalnej trofii termicznej, jeziora Gosławskiego oraz kanału zrzutowego elektrowni Konin, a także z rzeki Odry. W znaturalizowanym i aktualnie nieużytkowanym stawie rybnym na granicy Słowińskiego Parku Narodowego, wraz z dominującą *S. woodiana* (43%), występują *A. cygnea* (39%) i *A. anatina* (18%). W kanale zrzutowym systemu chłodzącego elektrowni Konin spotykamy wraz ze szczeżują chińską (71,3%) aż cztery gatunki małży: *Anodonta anatina* (18,7), *Unio tumidus* (7,2), *U. pictorum* (2,6) oraz *A. cygnea* (0,2). W przypadku Odry udział procentowy *S. woodiana* sięgał w próbach maksymalnie do 6,1%, natomiast w stawie położonym w pobliżu Nowego Lipska (województwo podlaskie) jej udział był jeszcze mniejszy – do 5%.

Wypieranie bądź zastępowanie rodzimych gatunków przez *S. woodiana* wydaje się możliwe, jednak nie obligatoryjne. W celu potwierdzenia tego spostrzeżenia potrzebne są systematyczne badania obejmujące zarówno monitoring populacji, jak i badania eksperymentalne.

**NOWE STANOWISKO *CORBICULA FLUMINEA* W WIŚLE W
WARSZAWIE**

MICHAŁ WINCZEK^{1,2}, JERZY ROMANOWSKI¹

¹Wydział Biologii i Nauk o Środowisku, Uniwersytet Kardynała Stefana Wyszyńskiego,
Warszawa

²Koło Biologów Terenowych Uniwersytetu Kardynała Stefana Wyszyńskiego,
Warszawa

W dniu 29 VI 2016 na lewym brzegu Wisły, w pobliżu Mostu im. gen. Stefana Grota Roweckiego w Warszawie (52°17'07"N 20°59'42"E) odnaleziono muszle dwóch osobników *Corbicula fluminea*. Dalsze poszukiwania prowadzono w lipcu i sierpniu 2016 na obu brzegach Wisły i dwóch starorzeczach w granicach Warszawy. Dodatkowo próby pobierano z dna rzeki i starorzeczy (do głębokości ok. 40 cm), korzystając z metalowego sita o średnicy 20 cm. Muszle *C. fluminea* obecne były na lewym i prawym brzegu badanego odcinka Wisły. Łącznie zebrano 19 kompletnych muszli i 76 połówek. Żywe osobniki odłowiono w dnie rzeki (2 osobniki) oraz w starorzeczu, na granicy Lasu Młocińskiego (6 osobników).

C. fluminea jest inwazyjnym gatunkiem, którego pierwotnym arealem geograficznym jest Azja. W Europie po raz pierwszy był odnotowany w rejonie Portugalii i Francji (Mouthon 1981). W Polsce został odkryty w podgrzanych wodach kanału Dolnej Odry koło Nowego Czarnowa i Gryfina (Pomorze Zachodnie), w październiku 2003 roku (Domagała i in. 2004). Dalsze badania udokumentowały ekspansję gatunku na całej długości środkowej i dolnej Odry (Wawrzyniak-Wydrowska 2007) oraz w górnej Wiśle w rejonie Krakowa (Maćkiewicz 2013). W centralnej Polsce gatunek nie był dotąd notowany.

W dotychczasowych rozważaniach nad przebiegiem inwazji *C. fluminea* w Polsce zwracano uwagę przede wszystkim na czynniki antropogeniczne, takie jak zawleczenie wraz z narybkiem lub przez wędkarzy (Stańczykowska i Kołodziejczyk 2011). Stwierdzenie obecności tego gatunku w górnej Wiśle od ok. 2008 (Maćkiewicz 2013), a obecnie także w warszawskim odcinku Wisły, wskazuje na możliwość skutecznego rozprzestrzeniania się tego gatunku wzdłuż cieków wodnych w Polsce.

ZMIENNOŚĆ GENETYCZNA *ARION VULGARIS* MOQUIN-TANDON, 1855 W EUROPIE

KAMILA ZAJĄC¹, DOROTA LACHOWSKA-CIERLIK², ANNA FILIPIAK³,
BJØRN A. HATTELAND^{4,5}, BARBARA FELDMEYER⁶,
MARKUS PFENNINGER⁶

¹Zespół Ekologii Fizjologicznej i Ewolucyjnej Bezkręgowców, Instytut Nauk o Środowisku,
Uniwersytet Jagielloński, Kraków

²Zakład Entomologii, Instytut Zoologii, Uniwersytet Jagielloński, Kraków

³Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Poznań

⁴Department of Biology, University of Bergen, Bergen, Norway

⁵Bioforsk – Norwegian Institute for Agricultural and Environmental Research, Lofthus,
Norway

⁶Biodiversity und Climate Research Centre by Senckenberg Naturforschende Gesellschaft,
Goethe-Universität, Frankfurt, Germany

Arion vulgaris Moquin-Tandon, 1855, który przez wiele lat nazywany był *A. lusitanicus* (Mabille, 1868), jest jednym ze 100 najbardziej inwazyjnych gatunków w Europie. Celem badań było zbadanie zmienności genetycznej *A. vulgaris* pomiędzy oraz w obrębie określonych populacji europejskich, a także zidentyfikowanie ewentualnego wzorca rozmieszczenia haplotypów. Ponadto celem było sprawdzenie, czy istnieją gatunki kryptyczne w obrębie *A. vulgaris* na podstawie obliczeń średnich dystansów genetycznych pomiędzy haplotypami z uzyskanych sekwencji mitochondrialnego genu *cox1*.

Do analiz molekularnych wykorzystano osobniki z 28 populacji pochodzących z krajów europejskich: Norwegii (11), Polski (9), Danii (3), Niemiec (3) oraz Francji (2). W celu potwierdzenia identyfikacji taksonomicznej ślimaków wykonano sekcję anatomiczną każdego z osobników. Analizy sekwencji mitochondrialnego genu *cox1* wykazały obecność 19 haplotypów, które różniły się między sobą 1 do 10 zmianami pojedynczych nukleotydów w sekwencji DNA (SNP), zidentyfikowano 20 miejsc polimorficznych. Średni dystans genetyczny pomiędzy haplotypami wynosi 1,19% (zakres 0,2-2,4%), podczas gdy średni dystans genetyczny pomiędzy gatunkami w rodzaju *Arion* (obliczony na podstawie sekwencji w GenBank) wynosi 17,67%.

Otrzymane dane potwierdzają, że nie istnieją gatunki kryptyczne w obrębie *A. vulgaris*, badane osobniki należą do jednego gatunku o szerokim zasięgu geograficznym. Ponadto nie istnieje wzorec segregacji haplotypów, co potwierdza, że jest to gatunek o silnej dyspersji.

**CHARACTERIZATION OF *AEROMONAS HYDROPHILA*
ISOLATED FROM DISEASED EUROPEAN BROWN SNAIL
*CORNU ASPERSA***

AGATA ZIĘTEK¹, LESZEK GUZ², JERZY ZIĘTEK³, TOMASZ ONISZCZUK⁴,
JACEK WAWRZYKOWSKI⁵

¹Veterinary Clinic "Pchełka", Świdnik

²Department of Fish Diseases and Biology, Faculty of Veterinary Medicine, University of Life Science, Lublin

³Department of Epizootiology and Infectious Diseases, Faculty of Veterinary Medicine, University of Life Science, Lublin

⁴Department of Food Process Engineering, Faculty of Veterinary Medicine, University of Life Science, Lublin

⁵Department of Biochemistry, Faculty of Veterinary Medicine, University of Life Science, Lublin

Snails diseases in a few cases are reported to be caused by closely related aeromonads. In the present study, *A. hydrophila* strain isolated from diseased snails, *Cornu aspersum* was selected for further characterisation by biochemical and MALDI-TOF tools.

During the epizootic disease of snails *C. aspersum*, the bacteria *A. hydrophila* HA1 were recovered from diseased snails (in contrast to non-affected snails) from private farm in Lublin Region of Poland. The organism was G (-), motile rods that gave smooth rounded colonies, 2-3 mm in diameter, and green with a black center in Aeromonas Agar Base media (AAB, Ryan). According to the biochemical characteristics (Api 20E Test, BioMerieux, France), the percentage of identification (%id) of the isolated strain HA1 to *A. hydrophila* was as high as 99.9%, with a T-index of 0.67. The %id is an estimate of how closely the profile corresponds to the taxon relative to all other taxa in the database. Whereas the T-index an estimate of how closely the profile corresponds to the most typical set of reactions for each taxon, as follows: excellent (%id \geq 99.0, T \geq 0.075), very good (%id \geq 99.0, T \geq 0.5), good (%id \geq 90, T \geq 0.25), and acceptable (%id \geq 80.0, T \geq 0).

The assessment of these bacteria to the species level within the *Aeromonas* genus was based on biochemical tests and MALDI-TOF-MS. The strain HA1 yielded for spectra and the comparison with the Bruker Daltonik database yielded identification of *A. hydrophila* three times, with mean scores of $2,046 \pm 0.002$ (for whole bacterial cells analysis, W-HA1) and $2,124 \pm 0.003$ (for bacterial cell lysates, L-HA1). Upon comparison, the W-HA1 *m/z* signature closely resembles the *A. hydrophila* CECT 839 and *A. bestiarum* CECT 4227 spectrums more than the *A. salmonicida* NCIMB 834 and *A. veronii* bv. *sobria* CECT 4246 spectra. The L-HA1 *m/z* signature closely resembles the *A. hydrophila* CECT 839 and *A. salmonicida* NCIMB 834 spectrums. The susceptibility of *C. aspersum* snails to *A. hydrophila* HA1 was tested by immersion challenge. *A. hydrophila* HA1 reproducibly infects and causes morbidity and mortality in snails. To our knowledge, this is the first report on the isolation and accurate identification of *A. hydrophila* associated with snails disease in Polish farm. This study will help to formulate suitable strategies to rapid identification and combat this pathogen.

WPLYW STOSOWANIA OPRYSKU 0,25% ROZTWOREM LAMBDA-CYHALOTRYNY (PREPARAT HANDLOWY KARATE ZEON 050 CS) NA STAN ZDROWIA I WYBRANE PARAMETRY ŚLIMAKÓW *CORNU ASPERSUM* MÜLLER.

JERZY ZIĘTEK¹, LESZEK GUZ², AGATA ZIĘTEK³

¹Zakład Chorób Ryb i Biologii, Wydział Medycyny Weterynaryjnej, UP, Lublin

²Katedra Epizootologii i Klinika Chorób Zakaźnych, Wydział Medycyny Weterynaryjnej, UP, Lublin

³Gabinet weterynaryjny "Pchelka", Świdnik

Ślimaki *Cornu aspersum* Müller są w naszym kraju hodowane w systemie otwartym. Młode osobniki przenoszone są na zabezpieczone pola obsiane roślinami pastewnymi (np.: rzepikiem). Do najczęstszych szkodników rzepiku należą larwy tatnisia krzyżowiaczka (*Plutella xylostella*) i bielinka rzepnika (*Pieris rapae*). Zwalczanie owadów na tego typu uprawach jest dość problematyczne z uwagi na obecność ślimaków, które są wrażliwe na wiele z używanych insektycydów.

Jednym z często stosowanych insektycydów są preparaty należące do grupy pyretroidów. W związku z powyższym postanowiono sprawdzić wpływ oprysku na wybrane parametry biochemiczne hemolimfy ślimaków.

Do badań użyto 60 ślimaków *C. aspersum*. Utrzymywano je w pojemniku plastikowym z ziemią ogrodową. Do pojemnika włożono około 2 kg liści rzepiku z obecnymi na nich larwami tatnisia krzyżowiaczka (*Plutella xylostella*). Pierwszego dnia trwania doświadczenia pobrano hemolimfę od 15 ślimaków i oznaczono poziom AST i ALT przy pomocy aparatu do badań biochemicznych krwi BS 30. Następnie spryskano ślimaki i znajdujące się w pojemniku rośliny 0,25% roztworem preparatu Karate Zeon 050 CS. Zwierzęta następnie obserwowano przez 14 dni. Wykonano 3 kolejne badania biochemiczne hemolimfy, używając do tego celu grup po 15 ślimaków 1., 7 i 14 dnia trwania doświadczenia. Obserwowano także zachowanie zwierząt, ich apetyt i aktywność.

Badanie poziomów aminotransferaz przeprowadzone 1., 7 i 14 dnia trwania doświadczenia nie wykazało dużych różnic w stosunku do wyników otrzymanych podczas badania przeprowadzonego bezpośrednio przed początkiem trwania doświadczenia. Uwagę zwracał niewielki wzrost poziomu AST i ALT pierwszego dnia po zastosowaniu oprysku (odpowiednio 10 i 7,8% w stosunku do rezultatów uzyskanych w badaniu przed rozpoczęciem eksperymentu). Wzrosła też wartość stosunku AST: ALT, choć zdawała się ona maleć wraz z upływem czasu. Zwierzęta nie wykazywały też żadnych zmian, jeśli chodzi o ich aktywność czy intensywność żerowania. Nie odnotowano też żadnych upadków.

Przeprowadzone badania wskazują, że zastosowany roztwór lambda-cyhalotryny nie wpływa w sposób istotny na wartości aminotransferaz, których wartość może wzrastać przy zatruciach. Poddane zabiegowi zwierzęta nie tracą apetytu ani aktywności. Oprysk likwiduje jednocześnie larwy owadów.

ROLA SŁODKOWODNYCH ŚLIMAKÓW W TRANSMISJI PARAZYTOZ

ELŻBIETA ŻBIKOWSKA

Zakład Zoologii Bezkręgowców, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet
Mikołaja Kopernika, Toruń

Choroby pasożytnicze (parazytozy) rozprzestrzeniane w środowisku za pośrednictwem ślimaków należą do kategorii metazoos. Słodkowodne gatunki Gastropoda, ze względu na rolę, jaką pełnią w sieciach troficznych, stanowią także ważne ogniwa w transmisji licznych grup pasożytów, wśród których na szczególną uwagę zasługują przywry digeniczne (Digenea). Skomplikowane relacje w układzie ślimaki-przywry są efektem liczącej blisko 200 milionów lat wspólnej ewolucji obu grup bezkręgowców. Przedstawiciele różnych gatunków Gastropoda pełnią rolę tak pierwszych jak drugich żywicieli pośrednich przywr, a w szczególnych przypadkach są także miejscem rozwoju dorosłych form tych pasożytów. Istotne znaczenie z medycznego czy weterynaryjnego punktu widzenia mają żywicieli, w których powstają ruchliwe, aktywnie poszukujące kolejnych ogniw w cyklu cerkarie, a także gospodarze metacerkarii, których bierna transmisja odbywa się na drodze pokarmowej.

Wśród gatunków przywr transmitowanych przez słodkowodne ślimaki znajdują się czynniki etiologiczne chorób człowieka, takich jak schistosomoza i/lub „swimmers’itch”, fasciolozę, dikroceliozę, opistorchozę, fasciolopsozę, echinostomozę, paragonimozę czy alariozę. Większość wymienionych parazytoz stanowi wspólny problem dla lekarzy i lekarzy weterynarii, bowiem należą one do kategorii zoonoz, czyli chorób odzwierzęcych. Przedmiotem zainteresowania hodowców zwierząt użytkowych są poza wymienionymi transmitowane przez słodkowodne ślimaki pasożyty ryb, wywołujące choćby diplostomozę czy postodiplostomozę, oraz ptaków, w szczególności kaczek i gęsi domowych, powodujące trichobilharziozę, echinostomozę, echinoparyfozę, psilotremozę, notokotylozę i inne.

Ze względu na nieustannie powiększający się zasięg występowania wymienionych wyżej parazytoz, spowodowany zarówno globalnymi zmianami klimatycznymi, jak i działalnością człowieka, coraz częściej podejmowane są działania mające na celu eksterminację malakologicznego ogniwa transmisji pasożytów poprzez stosowanie moluskicydów czy mechaniczne usuwanie mięczaków ze zbiorników wodnych. Niewielka skuteczność tych zabiegów może inspirować zainteresowane osoby do podejmowania działań zagrażających równowadze słodkowodnych środowisk, dlatego konieczne jest wypracowanie metod, które z jednej strony ograniczą zagrożenie inwazją przywr u ludzi i zwierząt hodowlanych, a z drugiej strony nie spowodują poważnych perturbacji w środowisku.



XXXII
KRAJOWE SEMINARIUM
MALAKOLOGICZNE
Spała 13-15 X 2016

WYKAZ POSTERÓW

1. GAWLAK M., KOZŁOWSKI J.
Anomalie w budowie tarek trzech gatunków ślimaków nagich z rodzaju *Arion* (Gastropoda: Pulmonata: Arionidae)
2. KACZOROWSKI P.
Charakterystyka lepkiego przemieszczania się ślimaka *Achatina fulica*
3. KOZŁOWSKI J., JASKULSKA M.
Ocena podatności odmian grochu (*Pisum sativum* L.) na uszkodzenia przez *Arion vulgaris* i *Arion rufus* (Gastropoda: Arionidae)
4. KUŹNIK-KOWALSKA E., STRZAŁA T., MACKIEWICZ P., PROCKÓW M., POKRYSZKO B. M.
Molekularna analiza filogeograficzna *Discus perspectivus* (Megerle von Muehlfeld, 1818)
5. MARZEC M.
Ślimaki łądowe Suwalskiego Parku Krajobrazowego
6. MIERZWA-SZYMKOWIAK D., BREURE A.S.H.
Władysław Emanuel Lubomirski (1824–1882) i jego kolekcja malakologiczna
7. MIERZWA-SZYMKOWIAK D., MAĆKIEWICZ J.
Niepublikowane dane o stanowiskach *Cepaea vindobonensis* (Férussac, 1821) w Polsce
8. NOWAKOWSKA A., ROGALSKA J., WYSZKOWSKA J.
Ślimaki jako bioindykatory zanieczyszczenia środowiska: wpływ pola elektromagnetycznego
9. PIEŃKOWSKA J. R., KOSICKA E., KRÓLIKOWSKA S., KMITA H., LESICKI A.
Identyfikacja nowej grupy akwaporyn (malakoakwaporyn) charakterystycznych wyłącznie dla mięczaków

10. ROSIN Z. M., KWIECIŃSKI Z., LESICKI A., SKÓRKA P., TRYJANOWSKI P.
Występowanie i liczebność wstężyka gajowego *Cepaea nemoralis* (L.) w krajobrazie wiejskim: istotność skali przestrzennej, aktywności człowieka i presji drapieżniczej
11. SZLAUER-ŁUKASZEWSKA A., URBAŃSKA M., ANDRZEJEWSKI W., GIERSZAL H.
***Sinanodonta woodiana* z rodzimymi Unionidae w dolnym biegu Odry**
12. URBAŃSKA M., ANDRZEJEWSKI W., GIERSZAL H.
Kogo „bardziej lubi” racicznica zmienna?
13. WINCZEK M., ROMANOWSKI J.
Nowe stanowisko *Corbicula fluminea* w Wiśle w Warszawie
14. ZAJĄC K., LACHOWSKA-CIERLIK D., FILIPIAK A., HATTELAND B. A., FELDMEYER B., PFENNINGER M.
Zmienność genetyczna *Arion vulgaris* (Moquin-Tandon, 1855) w Europie
15. ZIĘTEK A., GUZ L., ZIĘTEK J., ONISZCZUK T., WAWRZYKOWSKI J.
Characterization of *Aeromonas hydrophila* isolated from diseased European brown snail *Cornu aspersa*
16. ZIĘTEK J., GUZ L., ZIĘTEK A.
Wpływ stosowania oprysku 0,25% roztworem lambda-cyhalotryny (preparat handlowy Karate Zeon 050 CS) na stan zdrowia i wybrane parametry ślimaków *Cornu aspersum* Müller



XXXII
KRAJOWE SEMINARIUM
MALAKOLOGICZNE

Spała 13-15 X 2016

UCZESTNICZY

prof. dr hab. Witold Paweł Alexandrowicz
Katedra Geologii Ogólnej
i Geoturystyki, Wydział Geologii,
Geofizyki i Ochrony Środowiska,
Akademia Górniczo-Hutnicza,
al. A. Mickiewicza 30, 30-059 Kraków
wpalex@geol.agh.edu.pl

dr Anna Abraszewska
emerytowany pracownik Katedry
Zoologii Bezkręgowców
i Hydrobiologii, Uniwersytet Łódzki,
ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź
anna.abraszewska@gmail.com

prof. dr Robert Cameron
Department of Animal and Plant
Sciences, University of Sheffield,
Sheffield S10 2TN, UK;
Department of Zoology, The Natural
History Museum, London, SW7 5BD,
UK
r.cameron@sheffield.ac.uk

mgr Przemysław Ciapka
Zakład Zoologii Bezkręgowców,
Wydział Biologii i Ochrony
Środowiska,
Uniwersytet Mikołaja Kopernika,
ul. Lwowska 1, 87-100 Toruń
scoti1982@o2.pl

dr Anna Cichy
Zakład Zoologii Bezkręgowców,
Instytut Biologii Ogólnej
i Molekularnej, Uniwersytet Mikołaja
Kopernika,
ul. Gagarina 11, 87-100 Toruń
annacichy@umk.pl

mgr Michał Czyż
Centrum Badań Organizmów
Kwarantannowych, Inwazyjnych
i Genetycznie Zmodyfikowanych,
Instytut Ochrony Roślin - Państwowy
Instytut Badawczy,
ul. Wł. Węgorka 20, 60-318 Poznań
m.czyz.j@gmail.com

mgr Adam Ćmiel
Instytut Ochrony Przyrody PAN,
al. A. Mickiewicza 33, 31-120 Kraków
cmiel@iop.krakow.pl

mgr Anna Dzierżyńska-Białończyk
Zakład Zoologii Bezkręgowców,
Wydział Biologii i Ochrony
Środowiska,
Uniwersytet Mikołaja Kopernika,
ul. Lwowska 1, 87-100 Toruń
ann.dzierzynska@wp.pl

prof. dr hab. Andrzej Falniowski
Zakład Malakologii, Instytut Zoologii,
Uniwersytet Jagielloński,
ul. Gołębia 24, 31-007 Kraków
andrzej.falniowski@uj.edu.pl

mgr Magdalena Gawlak
Centrum Badań Organizmów
Kwarantannowych, Inwazyjnych
i Genetycznie Zmodyfikowanych,
Instytut Ochrony Roślin - Państwowy
Instytut Badawczy, ul. Wł. Węgorka 20,
60-318 Poznań
m.gawlak@iorpib.poznan.pl

dr hab. Sebastian Hofman
Zakład Anatomii Porównawczej,
Instytut Zoologii, Uniwersytet
Jagielloński, ul. Gołębia 24, 31-007
Kraków
s.hofman@uj.edu.pl

dr hab. Beata Jakubik
Zakład Ekologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Przyrodniczo-
Humanistyczny,
ul. Konarskiego 2, 08-110 Siedlce
beata.jakubik@uph.edu.pl

dr Anna Jankowiak

Wydział Biologii, Uniwersytet Adama Mickiewicza,
ul. Umultowska 89, 61-614 Poznań
ania_j7@wp.pl

mgr inż. Monika Jaskulska

Zakład Zoologii,
Instytut Ochrony Roślin – Państwowy
Instytut Badawczy,
ul. Wł. Węgorka 20, 60-318 Poznań
m.jaskulska@iorpib.poznan.pl

dr hab. Ewa Jurkiewicz-Karnkowska

Uniwersytet Przyrodniczo-
Humanistyczny,
ul. Konarskiego 2, 08-110 Siedlce
ewa.jurkiewicz-karnkowska@uph.edu.pl

mgr Agnieszka Kaczmarczyk

Katedra Genetyki, Wydział Biologii,
Uniwersytet Gdański,
ul. J. Bażyńskiego 8, 80-309 Gdańsk
agnieszka.kaczmarczyk@biol.ug.edu.pl

dr Piotr Kaczorowski

Pracownia Elektrofizjologii Tkanki
Nabłonkowej i Skóry, Wydział
Farmaceutyczny, Uniwersytet Mikołaja
Kopernika, Collegium Medicum w
Bydgoszczy,
ul. Gagarina 11, 87-100 Toruń
kaczorowski@cm.umk.pl

dr Tomasz Kaluski

Centrum Badań Organizmów
Kwarantannowych, Inwazyjnych
i Genetycznie Zmodyfikowanych,
Instytut Ochrony Roślin - Państwowy
Instytut Badawczy, ul. Wł. Węgorka 20,
60-318 Poznań
t.kaluski@iorpib.poznan.pl

dr hab. Jarosław Kobak

Zakład Zoologii Bezkręgowców,
Instytut Biologii Ogólnej
i Molekularnej, Uniwersytet Mikołaja
Kopernika,
ul. Gagarina 11, 87-100 Toruń;
jkob73@umk.pl

dr Andrzej Kołodziejczyk

Zakład Hydrobiologii, Wydział
Biologii, Uniwersytet Warszawski,
ul. Żwirki i Wigury 101,
02-089 Warszawa
a.kolodziejczyk@uw.edu.pl

dr inż. Tereza Kořínková

Ústav jaderné fyziky AV ČR,
Husinec-Řež 130, 250 68 Řež,
Česká Republika
te.korinkova@gmail.com

mgr Ewa Kosicka

Zakład Biologii Komórki, Wydział
Biologii, Uniwersytet Adama
Mickiewicza,
ul. Umultowska 89, 61-614 Poznań
ewatom@amu.edu.pl

prof. dr hab. Jan Kozłowski

Zakład Zoologii,
Instytut Ochrony Roślin – Państwowy
Instytut Badawczy
ul. Wł. Węgorka 20, 60-318 Poznań
j.kozlowski@iorpib.poznan.pl

dr Elżbieta Kuźnik-Kowalska

Zakład Systematyki i Ekologii
Bezkręgowców, Instytut Biologii
Uniwersytet Przyrodniczy,
ul. Kozuchowska 5b, 51-631 Wrocław
elzbieta.kowalska@up.wroc.pl

dr hab. Andrzej Lesicki (prof. UAM)

Zakład Biologii Komórki, Wydział
Biologii,
Uniwersytet Adama Mickiewicza,
ul. Umultowska 89, 61-614 Poznań
alesicki@amu.edu.pl

mgr Emilia Lewandowska

Łódź
emilewa@op.pl

dr hab. Krzysztof Lewandowski

Uniwersytet Przyrodniczo-
Humanistyczny,
ul. Konarskiego 2, 08-110 Siedlce
krzysztof.lewandowski@uph.edu.pl

mgr Anna Lipińska

Instytut Ochrony Przyrody PAN,
al. A. Mickiewicza 33, 31-120 Kraków
lipinska@iop.krakow.pl

Jarosław Maćkiewicz

Chełmska 85 m. 11, 95-100 Zgierz
jarekmackiewicz@o2.pl

dr Tomasz Krzysztof Maltz

Muzeum Przyrodnicze, Uniwersytet
Wrocławski,
ul. Sienkiewicza 21, 50-335 Wrocław
tomasz.maltz@uwr.edu.pl

mgr Anna Marszewska

Zakład Zoologii Bezkręgowców,
Uniwersytet Mikołaja Kopernika,
ul. Lwowska 1, 87-100 Toruń
annamarszewska@wp.pl

mgr Magdalena Marzec

Suwalski Park Krajobrazowy,
Malesowizna – Turtul 24,
16-404 Jeleniewo
magdamarzec@poczta.onet.pl

mgr Dominika Mierzwa-Szymkowiak

Muzeum i Instytut Zoologii PAN,
ul. Kredytowa 2/125, 00-062 Warszawa
dmierzwa@miiz.waw.pl

mgr Monika Mioduchowska

Katedra Genetyki, Wydział Biologii,
Uniwersytet Gdański,
ul. J. Bażyńskiego 8, 80-309 Gdańsk
monika.mioduchowska@biol.ug.edu.pl

Stanisław Myzyk

Sąpolno 14, 77-320 Przechlewo;
s.myzyk@wp.pl

dr hab. Anna Nowakowska

Zakład Fizjologii Zwierząt, Wydział
Biologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Mikołaja Kopernika,
ul. Gagarina 11, 87-100 Toruń
noann@umk.pl

dr Artur Osikowski

Zakład Anatomii Zwierząt, Instytut
Nauk Weterynaryjnych,
Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja,
al. A. Mickiewicza 21, 31-120 Kraków
a.osikowski@ur.krakow.pl

dr hab. Małgorzata Ożgo

Katedra Biologii Ewolucyjnej, Instytut
Biologii Środowiska,
Uniwersytet Kazimierza Wielkiego,
al. Ossolińskich 12, 85-093 Bydgoszcz
mozgo.biol@interia.pl

prof. dr hab. Andrzej Piechocki

emerytowany pracownik Katedry
Zoologii Bezkręgowców
i Hydrobiologii, Uniwersytet Łódzki,
ul. Banacha 12/16,
90-237 Łódź; piech@biol.uni.lodz.pl

dr Joanna Romana Pięnkowska

Zakład Biologii Komórki, Wydział
Biologii,
Uniwersytet Adama Mickiewicza,
ul. Umultowska 89, 61-614 Poznań
pienkowj@amu.edu.pl

prof. dr hab. Beata M. Pokryszko

Muzeum Przyrodnicze,
Uniwersytet Wrocławski,
ul. Sienkiewicza 21, 50-335 Wrocław
beata.pokryszko@uwr.edu.pl

dr Małgorzata Proćków

Muzeum Przyrodnicze,
Uniwersytet Wrocławski,
ul. Sienkiewicza 21, 50-335 Wrocław
malgorzata.prockow@uwr.edu.pl

dr hab. Jerzy Romanowski

Wydział Biologii i Nauk o Środowisku,
Uniwersytet Kardynała Stefana
Wyszyńskiego,
ul. Dewajtis 5, 01-815 Warszawa
j.romanowski@uskw.edu.pl

dr Zuzanna Rosin

Zakład Biologii Komórki, Wydział
Biologii,
Uniwersytet Adama Mickiewicza,
ul. Umultowska 89, 61-614 Poznań
zuzanna.rosin@gmail.com

dr Eliza Rybska

Wydziałowa Pracownia Dydaktyki
Biologii i Przyrody, Wydział Biologii,
Uniwersytet Adama Mickiewicza,
ul. Umultowska 89, 61-614 Poznań
elizary@amu.edu.pl

mgr Aleksandra Rysiewska

Zakład Malakologii, Instytut Zoologii,
Uniwersytet Jagielloński,
ul. Gołębia 24, 31-007 Kraków
a.rysiewska@uj.edu.pl

prof. dr hab. inż. Andrzej Samek

emerytowany pracownik Akademii
Górnictwo-Hutniczej, Kraków
ansamek@gmail.com

dr hab. Jerzy Sell

Katedra Genetyki, Wydział Biologii,
Uniwersytet Gdański,
ul. J. Bażyńskiego 8, 80-309 Gdańsk
jerzy.sell@biol.ug.edu.pl

dr hab. Marianna Soroka, prof. US

Katedra Genetyki, Uniwersytet
Szczeciński,
al. Papieża Jana Pawła II 22a,
71-453 Szczecin
soroka.marianna@gmail.com

dr hab. Ewa Stworzewicz, prof. PAN

Instytut Systematyki i Ewolucji
Zwierząt PAN,
ul. Sławkowska 17, 31-016 Kraków
stworzewicz@isez.pan.krakow.pl

dr hab. Anna Sulikowska-Drozd

Katedra Zoologii Bezkręgowców i
Hydrobiologii, Uniwersytet Łódzki,
ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź
sulik@biol.uni.lodz.pl

dr Marcin Szymanek

Wydział Geologii, Uniwersytet
Warszawski,
ul. Krakowskie Przedmieście 26/28,
00-927 Warszawa
m.szymanek@uw.edu.pl

dr inż. Maria Urbańska

Zakład Zoologii, Instytut Zoologii,
Uniwersytet Przyrodniczy,
ul. Wojska Polskiego 28,
60-637 Poznań
urbanska@up.poznan.pl

prof. dr hab. Andrzej Wiktor

emerytowany pracownik Muzeum
Przyrodniczego,
Uniwersytet Wrocławski,
ul. H. Sienkiewicza 21,
50-335 Wrocław
awiktor@biol.uni.wroc.pl

Michał Winczek

Koło Biologów Terenowych,
Uniwersytet Kardynała Stefana
Wyszyńskiego,
ul. Dewajtis 5, 01-815 Warszawa
michal.winczek@gmail.com

mgr Kamila Zajac

Zespół Ekologii Fizjologicznej i
Ewolucyjnej Bezkręgowców, Instytut
Nauk o Środowisku,
Uniwersytet Jagielloński,
ul. Gronostajowa 7, 30-387 Kraków
kamila.zajac12@gmail.com

dr hab. Tadeusz Zajac

Instytut Ochrony Przyrody PAN,
al. A. Mickiewicza 33, 31-120 Kraków
tzajac@iop.krakow.pl

dr Jerzy Ziętek

Katedra Epizootologii i Klinika
Chorób Zakaźnych, Wydział Medycyny
Weterynaryjnej,
Uniwersytet Przyrodniczy,
ul. Głębocka 30, 20-612 Lublin,
achatina@op.pl

prof. dr hab. Elżbieta Żbikowska

Zakład Zoologii Bezkręgowców,
Instytut Biologii Ogólnej
i Molekularnej, Uniwersytet Mikołaja
Kopernika,
ul. Lwowska 1, 87-100 Toruń
ezbikow@umk.pl



XXXII
KRAJOWE SEMINARIUM
MALAKOLOGICZNE
Spała 13-15 X 2016

INDEKS

A

ALEXANDROWICZ WITOLD PAWEŁ · 11, 12
ANDRZEJEWSKI WOJCIECH · 62, 64, 65

B

BĄCELA-SPYCHALSKA KAROLINA · 36
BERNARD RAFAŁ · 26
BREURE ABRAHAM S.H. · 49

C

CAMERON ROBERT A.D. · 15
CIAPKA PRZEMYSŁAW · 16, 17
CICHY ANNA · 16, 17, 47
CZYŻ MICHAŁ · 33

C

ĆMIEL ADAM M. · 18, 43

D

DZIERŻYŃSKA-BIAŁOŃCZYK ANNA · 19

F

FALNIOWSKI ANDRZEJ · 20, 24, 55
FELDMEYER BARBARA · 67
FILIPIAK ANNA · 67

G

GAWŁAK MAGDALENA · 22

GĄSIENICA-STASZECZEK MAGDALENA · 23

GIERSZAŁ HENRYK · 62, 64, 65

GOLDYŃ BARTŁOMIEJ · 26

GUZ LESZEK · 8, 68, 69

H

HATTELAND BJØRN A. · 67

HOFMAN SEBASTIAN · 20, 24, 55

J

JAKUBIK BEATA · 25, 29

JANKOWIAK ANNA · 26

JASKULSKA MONIKA · 33, 40, 41

JERMACZ ŁUKASZ · 36

JĘDRZEJOWSKA IZABELA · 46

JURKIEWICZ-KARNKOWSKA EWA · 27, 29

K

KACZMARCZYK AGNIESZKA · 31, 52

KACZOROWSKI PIOTR · 32

KAKAREKO TOMASZ · 36

KALUSKI TOMASZ · 33

KASZUBA MARCIN · 34

KMITA HANNA · 56

KOBAK JAROSŁAW · 19, 36

KOŁODZIEJCZYK ANDRZEJ · 38

KOŘINKOVÁ TEREZA · 39

KOSICKA EWA · 56

KOZŁOWSKA MARIA · 41

KOZŁOWSKI JAN · 22, 40, 41

KRAJCARZ MACIEJ T. · 63

KRAJCARZ MAGDALENA · 63

KRÓLIKOWSKA SYLWIA · 56

KUŹNIK-KOWALSKA ELŻBIETA · 42, 57
KWAŚNA DOROTA · 43
KWIECIŃSKI ZBIGNIEW · 59

L

LACHOWSKA-CIERLIK DOROTA · 67
LESICKI ANDRZEJ · 56, 59
LEWANDOWSKI KRZYSZTOF · 25, 29, 38
LIPIŃSKA ANNA M. · 18, 43

L

ŁODYGOWSKA MAŁGORZATA · 36

M

MACKIEWICZ PAWEŁ · 42, 57
MAĆKIEWICZ JAROSŁAW J. · 44, 51
MALTZ TOMASZ K. · 46
MARSZEWSKA ANNA · 17, 47
MARZEC MAGDALENA · 48
MIERZWA-SZYMKOWIAK DOMINIKA · 49, 51
MIODUCHOWSKA MONIKA · 31, 52
MONTOWSKA KAROLINA · 36
MYZYK STANISŁAW · 43

N

NOWAKOWSKA ANNA · 53

O

OLEJNICZAK PAWEŁ · 23
ONISZCZUK TOMASZ · 68
OSIKOWSKI ARTUR · 20, 24, 55

OŹGO MAŁGORZATA · 65

P

PFENNINGER MARKUS · 67
PIEŃKOWSKA JOANNA R. · 56
POKRYSZKO BEATA M. · 42
POZNAŃSKA MAŁGORZATA · 36
PRĄDZYŃSKI DANIEL · 36
PROĆKÓW MAŁGORZATA · 42, 57

R

ROGALSKA JUSTYNA · 53
ROMANOWSKI JERZY · 58, 66
ROSIN ZUZANNA M. · 59
RYBSKA ELIZA · 12
RYSIEWSKA ALEKSANDRA · 20, 24, 55, 61

S

SELL JERZY · 31, 52
SKOCZYŁAS SYLWIA · 11
SKÓRKA PIOTR · 59
STRZAŁA TOMASZ · 42
STWORZEWICZ EWA · 34
SUDOŁ MAGDALENA · 63
SULIKOWSKA-DROZD ANNA · 46
SZLAUER-ŁUKASZEWSKA AGNIESZKA · 62
SZYMANEK MARCIN · 12, 63

T

TRYJANOWSKI PIOTR · 59

U

URBAŃSKA MARIA · 62, 64, 65

W

WAWRZYKOWSKI JACEK · 68

WINCZEK MICHAŁ · 58, 66

WYSZKOWSKA JOANNA · 53

Z

ZAJĄC KAMILA · 67

ZAJĄC KATARZYNA · 18, 23, 31, 43, 52

ZAJĄC TADEUSZ · 18, 23, 31, 43, 52

ZIĘTEK AGATA · 8, 68, 69

ZIĘTEK JERZY · 8, 68, 69

Z

ŻBIKOWSKA ELŻBIETA · 16, 17, 47, 70

