

KSIĘGA ABSTRAKTÓW

KONFERENCJA

NAUKA W SŁUŻBIE PRZYRODY GENETYKA KONSERWATORSKA PRZECIWDZIAŁANIE INWAZJOM BIOLOGICZNYM



BOOK OF ABSTRACTS

SCIENCE IN THE SERVICE OF NATURE – FOCUS ON THE
CONSERVATION GENETICS AND COMBATING INVASIVE ALIEN SPECIES

SZCZECIN, 25-26 WRZEŚNIA 2017

Redakcja naukowa / Scientific editor

DR INŻ. JAKUB SKORUPSKI

Zespół recenzentów / Reviewers

DR INŻ. REMIGIUSZ PANICZ, DR HAB. INŻ. PRZEMYSŁAW ŚMIETANA, PROF. US, DR MAGDALENA SZENEJKO

Komitet Organizacyjno-Naukowy / Organizing and Scientific Committee

DR INŻ. JAKUB SKORUPSKI – FEDERACJA ZIELONYCH „GAJA”, COALITION CLEAN BALTIC

DR HAB. INŻ. PRZEMYSŁAW ŚMIETANA, PROF. US – UNIwersYTET SZCZECIŃSKI

DR MAGDALENA SZENEJKO – UNIwersYTET SZCZECIŃSKI

DR INŻ. REMIGIUSZ PANICZ – ZACHODNIOPOMORSKI UNIwersYTET TECHNOLOGICZNY W SZCZECINIE

DR INŻ. SŁAWOMIR KESZKA – ZACHODNIOPOMORSKI UNIwersYTET TECHNOLOGICZNY W SZCZECINIE

DR HAB. INŻ. ARKADIUSZ TERMAN – ZACHODNIOPOMORSKI UNIwersYTET TECHNOLOGICZNY W SZCZECINIE

DR HAB. INŻ. KATARZYNA WOJDAK-MAKSYMIEC – ZACHODNIOPOMORSKI UNIwersYTET

TECHNOLOGICZNY W SZCZECINIE

DR MAGDALENA MOSKA – UNIwersYTET PRZYRODNICZY WE WROCŁAWIU

DR INŻ. MAGDALENA ZATOŃ-DOBROWOLSKA – UNIwersYTET PRZYRODNICZY WE WROCŁAWIU

MGR INŻ. MAREK BUDNIAK – FUNDACJA AQUARIUS

Skład, projekt okładki i druk / Typesetting, cover design and printing

PANOPTICUM RADOSŁAW NAGAY

Zdjęcia na okładce / Cover photos

JADWIGA JAKUBIEC, JAKUB SKORUPSKI, PRZEMYSŁAW ŚMIETANA, JAKUB SKORUPSKI,

WILLIAM W. HARTLEY, SŁAWOMIR KESZKA, PRZEMYSŁAW ŚMIETANA

(od góry do dołu, od lewej do prawej)

Wydawca / Publisher

WYDZIAŁ BIOLOGII, UNIwersYTET SZCZECIŃSKI

Rekomendowany sposób cytowania / Recommended citation

[Nazwisko] [inicjały]. 2017. [Tytuł]. W: Skorupski J. (red.). Księga abstraktów konferencji

"Nauka w służbie przyrody – genetyka konserwatorska przeciwdziałanie inwazjom biologicznym":

str. [xx-xx]. Uniwersytet Szczeciński. Szczecin

[Author surname] [initial(s)]. 2017. [Title of paper]. In: Skorupski, J. (Ed.). Book of Abstracts of the
"Science in the Service of Nature – focus on the conservation genetics and combating invasive alien species":
pp. [xx-xx]. University of Szczecin. Szczecin

Publikacja bezpłatna. Kopiowanie dozwolone pod warunkiem wskazania źródła.
Publication free of charge. Copy allowed, provided that the source is indicated.

© Wydział Biologii, Uniwersytet Szczeciński w Szczecinie

KSIĘGA ABSTRAKTÓW

KONFERENCJA

NAUKA W SŁUŻBIE PRZYRODY GENETYKA KONSERWATORSKA PRZECIWDZIAŁANIE INWAZJOM BIOLOGICZNYM

BOOK OF ABSTRACTS

*SCIENCE IN THE SERVICE OF NATURE – FOCUS ON THE
CONSERVATION GENETICS AND COMBATING
INVASIVE ALIEN SPECIES*

SZCZECIN, 25-26 WRZEŚNIA 2017

SPIS TREŚCI

TABLE OF CONTENTS

SŁOWO WSTĘPNE	3
FOREWORD	4
PROGRAM	5
STRESZCZENIA PRELEKCJI	9
Zróżnicowanie genetyczne raka szlachetnego <i>Astacus astacus</i> na Pomorzu	9
Genetic diversity of the noble crayfish <i>Astacus astacus</i> in Pomerania	10
Environmental DNA and protection of the migratory fish species	11
DNA barkoding jako narzędzie w ochronie gatunków ryb	12
DNA barcoding as a conservation tool of fish species	13
Biologia, genetyka i restytucja chronionego gatunku małża <i>Unio crassus</i>	14
Biology, genetic and restitution of the endangered freshwater mussel <i>Unio crassus</i>	15
Ochrona bioróżnorodności Sudetów na przykładzie popielicy <i>Glis glis</i>	16
Biodiversity conservation in the Sudeten Mountains as exemplified by the Edible Dormouse <i>Glis glis</i>	17
Rola genetyki konserwatorskiej w ochronie populacji drzew leśnych	18
The role of conservation genetics in the protection of forest tree populations	19
Zróżnicowanie genetyczne populacji ryb a ochrona ichtiofauny w Polsce	20
Research on genetic diversity of fish in Poland and their application in species protection programs	21
Znaczenie sekwencjonowania genomowego w genetyce konserwatorskiej	22
Obce gatunki inwazyjne w obszarach polarnych	23
Invasive alien species in polar regions	24
Invasive alien species in Iceland – overview, management and public influence	25
American mink in Iceland. History, management and a way forward	26
Obce i inwazyjne gatunki ryb w województwie zachodniopomorskim	27
Non-native and invasive fish species in Western Pomerania	28
Invasive alien species – how do they affect us?	29
Obce, w tym inwazyjne, gatunki ryb w polskich obszarach morskich	30
Alien, including invasive, species of fish in Polish marine areas	31
Obce rośliny inwazyjne w Polsce	32
Invasive alien plant species in Poland	33
Norka amerykańska – gatunek inwazyjny i hodowlany	34
The American mink – an invasive and domesticated species	35
Żegluga a wektory introdukcji obcych gatunków do polskich wód morskich	36
Shipping and vectors of introduction of alien species into Polish marine waters	37
Invasive species in aquatic ecosystems in Montenegro: an overview	38
STRESZCZENIA POSTERÓW	39
Możliwość wykrywania zaburzeń rozwojowych w populacjach inwazyjnych gatunków	39
The possibility of detection of developmental disturbances in invasive species populations	40
Bank próbek biologicznych ryb Polski – cele i założenia	41
Bank of biological samples of fish living in Poland – goals and objectives	42
Rak sygnałowy <i>Pacifastacus leniusculus</i> – inwazja w przymorskiej rzece Wieprzy	43
The signal crayfish <i>Pacifastacus leniusculus</i> – invasion in Wieprza coastal river	44
Techniki genetyczne w identyfikacji chorobotwórczej bakterii <i>Listeria monocytogenes</i>	45
Genetic techniques in disease identification of <i>Listeria monocytogenes</i> bacteria	46
Obce i inwazyjne gatunki zwierząt w pokarmie ryb drapieżnych z Zatoki Pomorskiej	47
Alien and invasive animal species in the food of predatory fish from the Pomeranian Bay	48
Ponto-kaspijskie kielże - inwazja w polskich wodach słonawych: eksperyment w naturze i laboratorium	49
Ponto-Caspian gammarids – invasion in Polish brackish waters: experiment in nature and a laboratory	50
New records of invasive plant species from Montenegro	51
Expansion of <i>Harmonia axyridis</i> (Pallas, 1773) in Montenegro	51
Conservation genetics – a comprehensive tool for nature conservation in the Baltic Sea catchment area	52

SŁOWO WSTĘPNE

Konferencja „Nauka w służbie przyrody – genetyka konserwatorska przeciwdziałanie inwazjom biologicznym” organizowana jest w ramach międzynarodowych projektów – „Nauka w służbie przyrody – ochrona puli genowych gatunków ssaków zagrożonych i bliskich zagrożeniu wymarcia poprzez transfer wiedzy i wymianę doświadczeń w zakresie najlepszych praktyk w genetyce konserwatorskiej teriofauny” oraz „Wymiana wiedzy, doświadczeń i najlepszych praktyk w badaniach i kontroli populacji obcych gatunków inwazyjnych w Polsce i na Islandii”, finansowanych w ramach Funduszu Współpracy Dwustronnej Mechanizmu Finansowego Europejskiego Obszaru Gospodarczego 2009-2014 dla Programu PL02 „Ochrona różnorodności biologicznej i ekosystemów” oraz ze środków Narodowego Funduszu Ochrony Środowiska i Gospodarki Wodnej.

Projekt „Nauka w służbie przyrody – ochrona puli genowych gatunków ssaków zagrożonych i bliskich zagrożeniu wymarcia poprzez transfer wiedzy i wymianę doświadczeń w zakresie najlepszych praktyk w genetyce konserwatorskiej teriofauny” realizowany jest przez Instytut Badań nad Bioróżnorodnością Uniwersytetu Szczecińskiego w Szczecinie, w partnerstwie z międzynarodowym związkiem stowarzyszeń Coalition Clean Baltic, natomiast projekt „Wymiana wiedzy, doświadczeń i najlepszych praktyk w badaniach i kontroli populacji obcych gatunków inwazyjnych w Polsce i na Islandii” – Federację Zielonych „GAJA”, w partnerstwie z West-Iceland Nature Research Centre. Oba projekty realizowane są we współpracy z Polskim Towarzystwem Genetyki Konserwatorskiej LUTREOLA, Zachodniopomorskim Uniwersytetem Technologicznym w Szczecinie i Uniwersytetem Przyrodniczym we Wrocławiu.

Konferencja odbywa się w terminie 25-26 września 2017 r. w Centrum Dydaktyczno-Badawcze Nauk Przyrodniczych Uniwersytetu Szczecińskiego w Szczecinie i ma międzynarodowy charakter.

Celem konferencji jest:

- » transfer wiedzy i wymiana doświadczeń w zakresie najlepszych praktyk ochrony przyrody opartych na dorobku genetyki konserwatorskiej oraz przeciwdziałania zagrożeniu dla rodzimych ekosystemów ze strony obcych gatunków inwazyjnych,
- » promocja międzysektorowej i międzynarodowej współpracy w wymienionych obszarach.

Konferencja kierowana jest przede wszystkim do służb odpowiedzialnych za ochronę przyrody, naukowców, leśników, samorządowców, studentów, przedstawicieli organizacji pozarządowych oraz wszystkich zainteresowani tematyką konferencji.

Komitety Organizacyjno-Naukowy

FOREWORD

The conference “Science in the Service of Nature – focus on the conservation genetics and combating invasive alien species” is organized in the frames of the international projects – “Science in the service of nature – gene pools conservation of endangered and threatened mammalian species by knowledge transfer and experience sharing on the best practices in conservation genetics of teriofauna” and “Exchange of knowledge, experiences and best practices in study and control of the invasive alien species populations in Iceland and Poland” projects, financed by the Financial Mechanism of the European Economic Area (EEA) 2009-2014 and the National Fund for Environmental Protection and Water Management (Poland).

The project “Science in the Service of Nature – focus on the conservation genetics and combating invasive alien species” is implemented by the Institute for Research on Biodiversity of the University of Szczecin in partnership with the international network of associations – Coalition Clean Baltic, while the project “Exchange of knowledge, experiences and best practices in study and control of the invasive alien species populations in Iceland and Poland” – by Green Federation “GAIA” in partnership with the West-Iceland Research Nature Centre. Both projects were conducted in cooperation with the Polish Society of Conservation Genetics LUTREOLA, West Pomeranian University of Technology, Szczecin and the Wrocław University of Environmental and Life Sciences.

The conference is held on 25-26 September 2017 in Natural Sciences Education and Re-search Centre of the University of Szczecin in Szczecin (Poland) and has an international character.

The aims of the conference include:

- » *transfer of knowledge and exchange of experience on the best practices in the field of nature conservation based on the achievements of conservation genetics and the prevention of threats to native ecosystems by invasive alien species,*
- » *promotion of cross-sectoral and international co-operation in the areas mentioned above.*

The conference is addressed primarily to nature conservation services, scientists, foresters, decision-makers, students, representatives of NGOs and others interested in the subject matter of the conference.

Organizing and Scientific Committee

PROGRAM

DZIEŃ 1	GENETYKA KONSERWATORSKA – TEORIA I PRAKTYKA
DAY 1	CONSERVATION GENETICS – FROM THEORY TO PRACTICE
8:00-9:00	Rejestracja Registration
9:00-9:20	Otwarcie konferencji i wprowadzenie do projektu „Nauka w służbie przyrody – ochrona puli genowych gatunków ssaków zagrożonych i bliższych zagrożeniu wymarcia poprzez transfer wiedzy i wymianę doświadczeń w zakresie najlepszych praktyk w genetyce konserwatorskiej teriofauny” dr inż. Jakub Skorupski Federacja Zielonych “GAJA”, Polskie Towarzystwo Genetyki Konserwatorskiej LUTREOLA Opening remarks and introduction to the project “Science in the service of nature – gene pools conservation of endangered and threatened mammalian species by knowledge trans-fer and experience sharing on the best practices in conservation genetics of teriofauna” Jakub Skorupski, PhD, Eng. Green Federation “GAIA”, Polish Society for Conservation Genetics LUTREOLA
Moderator:	dr inż. Jakub Skorupski Federacja Zielonych “GAJA”, Polskie Towarzystwo Genetyki Konserwatorskiej LUTREOLA
Moderator:	Jakub Skorupski, PhD, Eng. Green Federation “GAIA”, Polish Society for Conservation Genetics LUTREOLA
9:20-9:45	WYKŁAD OTWIERAJĄCY: Zróżnicowanie genetyczne raka szlachetnego <i>Astacus astacus</i> na Pomorzu dr hab. inż. Przemysław Śmietana, prof. US Uniwersytet Szczeciński KEYNOTE LECTURE: Genetic diversity of the noble crayfish <i>Astacus astacus</i> in Pomerania Prof. Przemysław Śmietana, PhD, Eng. University of Szczecin
9:45-10:05	WYKŁAD OTWIERAJĄCY: DNA środowiskowy a ochrona ryb wędrownych Gunnar Norén Coalition Clean Baltic KEYNOTE LECTURE: Environmental DNA and protection of the migratory fish species Gunnar Norén Coalition Clean Baltic
10:05-10:35	DNA barcoding jako narzędzie w ochronie gatunków ryb dr inż. Remigiusz Panicz Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie DNA barcoding as a conservation tool of fish species Remigiusz Panicz, PhD, Eng. West Pomeranian University of Technology, Szczecin
10:35-11:05	Przerwa kawowa i sesja posterowa Coffee brake and poster sesion
Moderator:	dr inż. Remigiusz Panicz Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie
Moderator:	Remigiusz Panicz, PhD, Eng. West Pomeranian University of Technology, Szczecin

- 11:05-11:25 **Biologia, genetyka i restytucja chronionego gatunku małża *Unio crassus***
dr hab. inż. Marianna Soroka, prof. US | Uniwersytet Szczeciński
 Biology, genetics and restitution of the protected bivalve species *U. crassus*
 Prof. Marianna Soroka, PhD | University of Szczecin
- 11:25-11:45 **Ochrona bioróżnorodności Sudetów na przykładzie popielicy *Glis glis***
dr Magdalena Moska | Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu
 Biodiversity conservation of the Sudetes on the edible dormouse *Glis glis* example
 Magdalena Moska, PhD | Wrocław University of Environmental and Life Sciences
- 11:45-12:05 **Rola genetyki konserwatorskiej w ochronie populacji drzew leśnych**
dr inż. Marta Kempf | Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja w Krakowie
 The role of conservation genetics in the protection of forest tree populations
 Marta Kempf, PhD, Eng. | University of Agriculture in Krakow
- 12:05-12:35 Przerwa kawowa i sesja posterowa
 Coffee brake and poster session
- Moderator: **dr hab. inż. Katarzyna Wojdak-Maksymiec** | Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie
-
- Moderator: **Katarzyna Wojdak-Maksymiec, PhD, Eng.** | WestPomeranianUniversityofTechnology, Szczecin
- 12:35-12:55 **Zróżnicowanie genetyczne populacji ryb a ochrona ichtiofauny w Polsce**
dr Łukasz Napora-Rutkowski | Zakład Ichtiobiologii i Gospodarki Rybackiej PAN w Gołyszach
 Genetic diversity of fish populations and ichthyofauna protection in Poland
 Łukasz Napora-Rutkowski, PhD | Polish Academy of Sciences, Institute of Ichthyobiology and Aquaculture in Gołysz
- 12:55-13:15 **Znaczenie sekwencjonowania genomowego w genetyce konserwatorskiej**
dr Remigiusz Arnak | Macrogen Europe
 The power of genomic sequencing in conservation genetics
 Remigiusz Arnak, PhD | Macrogen Europe
- 13:15-13:30 Podsumowanie i zamknięcie pierwszego dnia konferencji
 Day 1 closing remarks
- 13:30-14:30 **Wizyta w Muzeum Geologicznym Uniwersytetu Szczecińskiego**
mgr Robert Woziński | Uniwersytet Szczeciński
 Visit in the Museum of Geology of the University of Szczecin
 Robert Woziński, MSc | University of Szczecin
- 14:30-15:30 Obiad
 Lunch

DZIEŃ 2	IDENTYFIKACJA ZAGROŻEŃ I ZARZĄDZANIE POPULACJAMI OB- CYCH GATUNKÓW INWAZYJNYCH
DAY 2	IDENTIFICATION OF RISKS AND MANAGEMENT OF INVASIVE ALIEN SPECIES
8:00-9:00	Rejestracja Registration
9:00-9:15	Otwarcie drugiego dnia konferencji i wprowadzenie do projektu „Wy- miana wiedzy, doświadczeń i najlepszych praktyk w badaniach i kon- troli populacji obcych gatunków inwazyjnych w Polsce i na Islandii” dr hab. inż. Przemysław Śmietana, prof. US Uniwersytet Szczeciński Welcomewordsandintroductiontotheproject“Exchangeofknowledge,experiencesand best practices in study and control of the invasive alien species populations in Iceland and Poland” Prof. Przemysław Śmietana, PhD, Eng. University of Szczecin
Moderator:	dr hab. inż. Przemysław Śmietana, prof. US Uniwersytet Szczeciński
Moderator:	Prof. Przemysław Śmietana, PhD, Eng. University of Szczecin
9:15-9:40	WYKŁAD OTWIERAJĄCY: Obce gatunki inwazyjne w obszarach polarnych dr hab. inż. Katarzyna Chwedorzewska Instytut Biochemii i Biofizyki PAN KEYNOTE LECTURE: Invasive alien species in polar regions Katarzyna Chwedorzewska, PhD, Eng. Institute of Biochemistry and Biophysics of the Polish Academy of Sciences
9:40-10:05	WYKŁAD OTWIERAJĄCY: Gatunki inwazyjne na Islandii – przegląd, zarzą- danie i uwarunkowania społeczne Menja von Schmalensee West Iceland Nature Research Centre KEYNOTE LECTURE: Invasive species in Iceland. Overview, management and public influ- ence Menja von Schmalensee West Iceland Nature Research Centre
10:05-10:25	WYKŁAD OTWIERAJĄCY: Norka amerykańska na Islandii – historia inwazji, zarządzanie populacją i prognoza Róbert A. Stefánsson West Iceland Nature Research Centre KEYNOTE LECTURE: American mink in Iceland. History, management and a way forward Róbert A. Stefánsson West Iceland Nature Research Centre
10:25-10:45	Inwazyjne, obce i nierodzone gatunki ryb na pomorzu zachodnim – mechanizmy rozprzestrzeniania i monitoring genetyczny dr inż. Sławomir Keszka Zachodniopomorski Uniwersytet Technologicz- ny w Szczecinie Invasive, alien and non-native fish species in Western Pomerania Sławomir Keszka, PhD, Eng. West Pomeranian University of Technology, Szczecin
10:45-11:15	Przerwa kawowa i sesja posterowa Coffee brake and poster sesion

Moderator: **dr Magdalena Moska** | Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

Moderator: **Magdalena Moska, PhD** | Wrocław University of Environmental and Life Sciences

11:15-11:35 **Obce gatunki inwazyjne – w jaki sposób na nas wpływają?**

Nina Ljungquist | Coalition Clean Baltic

Invasive alien species – how do they affect us?

Nina Ljungquist | Coalition Clean Baltic

11:35-11:55 **Obce, w tym inwazyjne, gatunki ryb w polskich obszarach morskich**

dr Michał Skóra | Stacja Morska Instytutu Oceanografii Uniwersytetu

Gdańskiego im. prof. Krzysztofa Skóry

Alien, including invasive, species of fish in Polish marine areas

Michał Skóra, PhD | Prof. Krzysztof Skóra Marine Station of the Institute of Oceanography of the University of Gdansk

11:55-12:15 **Obce rośliny inwazyjne w Polsce**

dr Magdalena Szenejko | Uniwersytet Szczeciński

Invasive alien plant species in Poland

Magdalena Szenejko, PhD | University of Szczecin

12:15-12:45 Przerwa kawowa i sesja posterowa

Coffee brake and poster session

Moderator: **dr inż. Sławomir Keszka** | Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie

Moderator: **Sławomir Keszka, PhD, Eng.** | West Pomeranian University of Technology, Szczecin

12:45-13:05 **Norka amerykańska – gatunek inwazyjny i hodowlany**

dr inż. Magdalena Zatoń-Dobrowolska | Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

American mink – invasive and domesticated species

Magdalena Zatoń-Dobrowolska, PhD, Eng. | Wrocław University of Environmental and Life Sciences

13:05-13:25 **Żegluga a wektory introdukcji obcych gatunków do polskich wód morskich**

dr Piotr Gruszka | Instytut Morski w Gdańsku

Shipping and vectors of introduction of alien species into Polish marine waters

Piotr Gruszka, PhD, | Maritime Institute in Gdańsk

13:25-13:45 **Przegląd obcych gatunków inwazyjnych ekosystemów wodnych Czarnogóry**

Vladimir Pešić | University of Montenegro

Invasive alien species in aquatic ecosystems in Montenegro: an overview

Vladimir Pešić | University of Montenegro

13:45-14:05 Dyskusja i zamknięcie konferencji

Discussion and closing remarks

14:05-15:00 Obiad

Lunch

STRESZCZENIA PRELEKCJI

LECTURES' ABSTRACTS

DZIEŃ 1 **GENETYKA KONSERWATORSKA – TEORIA I PRAKTYKA**
DAY 1 **CONSERVATION GENETICS – FROM THEORY TO PRACTICE**

Zróżnicowanie genetyczne raka szlachetnego *Astacus astacus* na Pomorzu

Przemysław Śmietana¹

¹ Katedra Ekologii i Ochrony Środowiska, Instytut Badań nad Bioróżnorodnością, Wydział Biologii, Uniwersytet Szczeciński, ul. Wąska 13, 71-415 Szczecin, Polska

leptosp@univ.szczecin.pl

Działania o charakterze konserwatorskim wobec populacji raka szlachetnego na Pojezierzu Bytowskim stają się szczególnie ważne z powodu wysokiego tempa zaniku zarówno poszczególnych stanowisk występowania populacji, jak i ich liczebności. W niniejszej prezentacji zostały przedstawione wstępne wyniki oceny zróżnicowania genetycznego 5 populacji raka szlachetnego z jezior pomorskich. Analizę tę oparto o markery molekularne SSR i AFLP. Analiza AMOVA mikrosatelitów oraz wyniki analizy AFLP wykazały, że zróżnicowanie pomiędzy populacjami koresponduje do relatywnie wysokiego zróżnicowania całkowitego. Dodatkowo powyższe potwierdziła wysoka wartość eskażnika F_{ST} . Zidentyfikowano dwadzieścia specyficznych alleli w badanych populacjach, co dodatkowo potwierdza wysoki poziom ich genetycznego zróżnicowania. Wszystkie badane populacje charakteryzowały się istotnym odchyleniem od oczekiwanej wartości równowagi genetycznej Hardy-Weinberg'a. Wszystkie także wykazywały ujemną wartość współczynnika inbredu (F_{IS}), w granicach od -0,420 do -0,102, wskazując na małą liczebność parzących się osobników, ewentualnie na wystąpienie efektu tzw. wąskiego gardła genetycznego. Uzyskane wyniki mogą być uzupełniającymi w aspekcie zróżnicowania, rekolonizacji i struktury populacji raka szlachetnego w Europie Środkowej. W tym świetle zastosowane testy genetyczne okazują swoją zasadność w pracach nad oceną struktury genetycznej zachowanych populacji rzadkich gatunków.

Słowa kluczowe: *Astacus astacus*, ochrona przyrody, rak szlachetny, zróżnicowanie genetyczne

Genetic diversity of the noble crayfish *Astacus astacus* in Pomerania

Przemysław Śmietana¹

¹ Department of Ecology and Environmental Protection, Institute for Research on Biodiversity, Faculty of Biology, University of Szczecin, Wąska 13, 71-415 Szczecin, Poland

leptosp@univ.szczecin.pl

Conservation of the noble crayfish populations from Bytowskie Lakeland (NW Poland) become particularly important because either the number of populations nor number of individuals decrease at a very high pace. The preliminary results of the genetic diversity analyses of 5 crayfish populations from Pomeranian lakes, based on SSR and AFLP markers, are presented. Microsatellite analysis results of AMOVA show that the diversity between populations corresponds to relatively high total genetic variability and is additionally confirmed by comparable results obtained using AFLP method. Additionally, high genetic diversity was confirmed by high average F_{ST} values. Twenty private alleles were identified, proving high genetic differentiation of analysed populations. All studied crayfish population significantly deviated from expected Hardy-Weinberg equilibrium and all of them were characterised by negative values of inbreeding coefficient (F_{IS}), ranging from -0.420 to -0.102, what might indicate a low number of mating individuals or genetic bottleneck phenomenon. The obtained results supplement information about diversity, recolonization routes and genetic structure of the noble crayfish population in Central Europe. In this light, comprehensive genetic tests become a necessity to assess genetic structure of the remaining populations of rare species.

Keywords: *Astacus astacus*, genetic diversity, nature conservation, noble crayfish

Environmental DNA and protection of the migratory fish species

Gunnar Norén¹, Nils Höglund¹, Mikhail Durkin¹

¹ Coalition Clean Baltic (CCB), Östra Ågatan 53, SE-753 22 Uppsala, Sweden

gunnar.noren@ccb.se

Baltic migratory fish species (e.g. salmon, sea trout, eel, barbus, vimba) are under constant anthropogenic pressures, ranging from fisheries and poaching to barriers and obstacles destructing spawning migrations and river habitats. The river ecosystems have been changed by man-made structures for centuries, structures that often are obsolete and do not longer serve their purpose, e.g. damming for drinking water supply, mills and power generation. Fish ways have only partial effects as even well-made fish-ways don't help downstream migration. Dam removal is the most effective measure for successful fish migration up- and down-streams and to restore river habitats and ecosystems. However, dam removal process is still rather new in our region. The knowledge about how to remove a dam safely, what rivers and dams to choose and perhaps avoid, and how to effectively measure effects of dam removals is limited and actual examples of, and experiences from dam removals are few. CCB plans a project with a goal to perform a feasibility study to increase actual removal of obsolete dams to restore free flowing waters in the Baltic river systems. An eDNA sampling will be tested to locate areas and dams for potential removal and demonstrate its usefulness for evaluating before and after effects of dam removal. As eDNA allows obtaining genetic material of monitored species directly from surface water, without any obvious signs of biological source material, it may become an appropriate non-invasive method for project purposes. Local lab capacities for the method will be utilised and strengthened.

Keywords: citizen science, dam removal, environmental DNA, habitat remediation, migratory species

DNA barkoding jako narzędzie w ochronie gatunków ryb

Remigiusz Panicz¹, Sławomir Keszka²

¹ Katedra Technologii Mięsa, Wydział Nauk o Żywności i Rybactwa, Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie, ul. Kazimierza Królewicza 4, 71-550 Szczecin, Polska

² Zakład Akwakultury, Wydział Nauk o Żywności i Rybactwa, Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie, ul. Kazimierza Królewicza 4, 71-550 Szczecin, Polska

rpanicz@zut.edu.pl

Analiza informacji na temat stanu środowiska, w tym statusu ochrony i liczby gatunków wskazują, że era w której żyjemy charakteryzuje się znaczącym tempem spadku bioróżnorodności. Dotyczy to wszystkich typów ekosystemu, jednakże w przypadku środowiska wodnego nie uzyskano jeszcze kompletnej informacji o różnorodności gatunkowej hydrobiontów, a już muszą być wprowadzone programy ochrony dla tych skrajnie zagrożonych. Użytecznym narzędziem w tym przedsięwzięciu jest barkoding DNA, który wykorzystując właściwości sekwencji markerowych (*cox1*, *cytb*, *rho*) dąży do identyfikacji gatunków oraz ocenia ich stopień zróżnicowania genetycznego. Jednakże analizując rosnącą liczbę danych otrzymywanych z projektów barkodingu DNA stwierdzono, iż istotną kwestią jest odpowiednio liczny i właściwie metodycznie pobrany materiał do badań, gdyż tylko takie podejście gwarantuje uzyskanie wiarygodnych wyników. Jest to kwestia niezwykle istotna, gdyż w technice tej istnieje pojęcie *barcoding gap*, które jest wyrazem odległości pomiędzy minimalną zmiennością genetyczną wewnątrzgatunkową a największą zmiennością międzygatunkową. Jeśli ten dystans genetyczny wynosi zero, dane narzędzie nie spełni swojej roli w charakterystyce genetycznej zagrożonych gatunków ryb, a tym samym w tworzeniu planów ochronnych. Dlatego też proponowane są rozwiązania oparte o wysokoprzepustowe sekwencjonowanie bazujące na izolatach wyekstrahowanych z zawiesiny znajdującej się z próbach wody. Takie podejście to dzisiaj innowacyjne kierunki badań konserwatorskich, które dostarczają ogromnych ilości przydatnych danych w stosunkowo krótkim czasie.

Słowa kluczowe: barcoding gap, *cox1*, *cytb*, eDNA, gatunki kryptyczne, NGS

DNA barcoding as a conservation tool of fish species

Remigiusz Panicz¹, Sławomir Keszka²

¹ Department of Meat Sciences, Faculty of Food Sciences and Fisheries, West Pomeranian University of Technology, Szczecin, Kazimierza Królewicza 4, 71-550 Szczecin, Poland

² Department of Aquaculture, Faculty of Food Sciences and Fisheries, West Pomeranian University of Technology, Szczecin, Kazimierza Królewicza 4, 71-550 Szczecin, Poland

rpanicz@zut.edu.pl

The environment condition, including protection status and species quantity analysis, indicates that our living era can be characterized by a significant biodiversity decline. This applies to all ecosystems types, however in case of aquatic environment, complete hydrobionts diversity information has not been established yet, but protection programs for those extremely endangered must already be introduced. Useful tool in this undertaking is DNA barcoding, which using marker sequences (*cox1*, *cytb*, *rho*) properties aim to identify species and assess their genetic diversity. Nevertheless, by analysing increasing number of data obtained from DNA barcoding projects, it has been found that crucial issue is adequately large and methodically sampled study material, since only this approach guarantees reliable results. This is an extraordinarily important, as there is a “barcoding gap” term in the technique, which is defined as distance between minimum and maximum intra-species genetic variation. If genetic distance equal zero, tool does not fulfil its role in endangered fish species characteristics, thereby in conservation plans development. Therefore, solutions based on Next Generation Sequencing build on isolates extracted from suspension found in water samples are proposed. Such an approach, today is an innovative conservation research direction, which provides huge amounts of useful data in relatively short time.

Key words: barcoding gap, *cox1*, cryptic species, *cytb*, eDNA, NGS

Biologia, genetyka i restytucja chronionego gatunku małża *Unio crassus*

Marianna Soroka¹, Barbara Wąsowicz¹

¹ Katedra Genetyki, Wydział Biologii, Uniwersytet Szczeciński, ul. Felczaka 3c, 71-412 Szczecin, Polska

marianna.soroka@usz.edu.pl

Małże z rodziny Unionidae pełnią ważną biologiczną rolę w ekosystemach, m.in. poprawiając jakość wód, a pewne gatunki mają rangę bioindykatorów, np. skójka gruboskorupowa *Unio crassus*. Niestety wśród wodnych bezkręgowców małże Unionidae to najbardziej zagrożona w Europie i na świecie grupa systematyczna. Małże te posiadają długi cykl życiowy obejmujący inkubację jaj i larw w skrzelach samic oraz stadium larwalne będące pasożytem ryb. Ponadto, został u nich opisany odmienny od matczynego sposób dziedziczenia genomu mitochondrialnego, zwany podwójnie uniparentalnym dziedziczeniem (DUI). W przypadku DUI obserwuje się dwa typy DNA mitochondrialnego – typ F (genom żeński), dziedziczony po matce i typ M (genom męski), dziedziczony po ojcu. Samice są homoplazmatyczne i posiadają tylko jeden mtDNA typu F, natomiast samce są heteroplazmatyczne i posiadają obie formy mtDNA. Mitochondrialny genom typu M zlokalizowany w gonadach samców osobnik męski przekazuje go dalej swoim męskim potomkom. Natomiast w tkankach somatycznych samce posiadają mtDNA typu F, który odziedziczyli po matce i nie przekazują go do następnych pokoleń. Skójka gruboskorupowa to gatunek mogący żyć 10-75 lat zależnie od temperatury wody, uzyskujący dojrzałość płciową po 2-5 latach i posiadający złożony cykl życiowy zależny od obecności specyficznych gatunków ryb. W kraju i Europie objęty jest ochroną gatunkową. W latach 2010-2014 przeprowadzono czynne zabiegi ochrony tego gatunku w dopływach rzeki Biała Tarnowska na południu Polski. Realizacja projektu spowodowała wzrost liczby stanowisk, wzrost liczebności populacji oraz dwukrotne rozszerzenie zasięgu występowania *U. crassus* w dolinie rzeki. Zastosowane procedury mogą być wykorzystane do dalszej restytucji tego gatunku nie tylko w Polsce, ale w całej Europie.

Słowa kluczowe: gatunki zagrożone, genetyka konserwatorska, *loci* mikrosatelitarne, mitochondrialny DNA, słodkowodne małże, Unionidae

Biology, genetic and restitution of the endangered freshwater mussel *Unio crassus*

Marianna Soroka¹, Barbara Wąsowicz¹

¹ Department of Genetics, Faculty of Biology, University of Szczecin, Felczaka 3c, 71-412 Szczecin, Poland

marianna.soroka@usz.edu.pl

Mussels from the family Unionidae play an important role in freshwater ecosystems, including improving water quality and some species have the rank of bioindicators, e.g. the thick-shelled river mussel *Unio crassus*. Unfortunately, Unionidae mussels are the most endangered systematic group among aquatic invertebrates not only in Europe but also in the world. These mussels have a long life cycle involving the incubation of eggs and larvae in female gills and a larval stage, which is a parasite of fish. In addition, Unionidae have been found to possess a unique way of inheriting the mitochondrial genome. This is a double uniparental inheritance (DUI), as opposed to maternal inheritance in animals. In the case of DUI there are two mitochondrial genomes: type F (female genome) inherited from the mother, and type M (male genome), inherited from the father. The females are homoplasmic and have only one mtDNA type F but males are heteroplasmic and have both forms of mtDNA. The mitochondrial genome of the M type is located in the male gonads. Males receive it from the father and transmit it to their male offspring. In somatic tissues, males have the mtDNA of the F type inherited from their mother and not transmitted to the next generations. The thick-shelled river mussel *U. crassus* is a species capable of living between 10-75 years, depending on water temperature, reaching maturity after 2-5 years and having a complex life cycle dependent on the presence of specific species of fish. This species is protected both in Poland and the rest of Europe. In the years 2010 to 2014 active protection of this species was carried out in the tributaries of the River Biała Tarnowska in the south of Poland. Execution of this project has increased number of *U. crassus* localities, population size, and twice the range of this species in the river valley. These procedures can be used for further restitution of this species not only in Poland but also in other European countries.

Keywords: conservation genetics, endangered species, freshwater mussels, microsatellite *loci*, mitochondrial DNA, Unionidae

Ochrona bioróżnorodności Sudetów na przykładzie popielicy *Glis glis*

Magdalena Moska¹, Magdalena Zatoń-Dobrowolska¹

¹ Katedra Genetyki, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, ul. Kozuchowska 7, 51-631 Wrocław, Polska

magdalena.moska@upwr.edu.pl

Antropogeniczne zmiany w środowisku naturalnym stanowią w dzisiejszych czasach główną przyczynę spadku bioróżnorodności. Współcześnie żyjące ssaki są narażone na szereg zagrożeń, z których największym jest niszczenie lub wręcz pełna likwidacja ich naturalnych siedlisk. Biorąc pod uwagę fakt, że to ekosystemy leśne są najbardziej narażone na negatywne skutki działalności człowieka, ich fragmentacja stanowi istotne zagrożenie dla nadrzewnych gatunków. Jednym z nich jest niewątpliwie popielica *Glis glis*. Obserwowana w polskich lasach intensywna wycinka drzew, prowadząca do fragmentacji kompleksów leśnych oraz wycinka starych dziuplastych okazów stanowi duże zagrożenie dla tego rzadkiego, nadrzewnego ssaka, a w konsekwencji dla całej szeroko rozumianej bioróżnorodności. Wieloletnie badania, inwentaryzujące jej stanowiska wskazują, że popielica występuje we wszystkich regionach Sudetów, jej rozmieszczenie nie jest tu jednak równomierne. Jako główną przyczynę zaniku stanowisk popielicy w Sudetach wskazuje się niewłaściwą gospodarkę leśną, zatem dla ochrony tego gatunku konieczna jest m.in. zmiana sposobu wyrębów prowadzonych w polskich lasach. Prócz dbałości o jakość siedlisk popielicy równie ważna dla przetrwania tego gatunku jest wiedza na temat jego kondycji genetycznej. Zapoczątkowane od niedawna badania genetyczne popielic dostarczyły informacji o strukturze genetycznej polskiej populacji. Jednocześnie wiadomo, że istnieją w Polsce niewielkie, izolowane populacje tego gatunku, których sytuacja genetyczna powinna być regularnie monitorowana. Wiedza o strukturze genetycznej poszczególnych populacji jest szczególnie cenna i powinna być także wykorzystywana przy wyborze osobników do prowadzonej w Polsce na coraz większą skalę reintrodukcji tego gatunku.

Słowa kluczowe: fragmentacja siedlisk , *Glis glis*, popielica, zróżnicowanie genetyczne

Biodiversity conservation in the Sudeten Mountains as exemplified by the Edible Dormouse *Glis glis*

Magdalena Moska¹, Magdalena Zatoń-Dobrowolska¹

¹ Department of Genetics, Faculty of Biology and Animal Science, Wrocław University of Environmental and Life Sciences, Koźuchowska 7, 51-631 Wrocław, Poland

[magdalena.moska@upwr.edu.pl](mailto:magdalenam@upwr.edu.pl)

Anthropogenic changes in the natural environment are nowadays the main cause of declines in biodiversity. Contemporary mammals are exposed to a whole range of dangers, the greatest of which is damage to or even the wholesale destruction of their natural habitats. Since woodland ecosystems are the most susceptible to the adverse effects of human activities, however, their fragmentation seriously endangers arboreal species. One of them is the Edible Dormouse *Glis glis*. Unfortunately, the felling of trees in Polish forests is proceeding apace, and this is breaking up woodland complexes. Worse, the cutting down of old trees with suitable holes is putting this rare arboreal species, not to mention biodiversity in general, at great risk. Long-term monitoring surveys of Edible Dormouse localities have shown it to be present in all parts of the Sudetens, but its distribution is rather uneven. The chief cause of the decline in its localities in this mountain range appears to be inappropriate forestry management. Protection of this species thus requires, among other things, felling practices in Polish forests to be modified. Apart from maintaining the quality of the Edible Dormouse habitats, knowledge relating to the genetic condition of these animals is also important for their survival. The recently initiated genetic studies of the species have supplied information on the genetic structure of its Polish populations. At the same time, small, isolated populations of this species are known to exist in Poland, whose genetic situation should be monitored on a regular basis. Knowledge of the genetic structure of individual populations is particularly valuable and should also be applied when selecting individuals for the reintroduction of this species, a practice that has been gathering pace in Poland.

Keywords: Edible Dormouse, genetic variation, *Glis glis*, habitat fragmentation

Rola genetyki konserwatorskiej w ochronie populacji drzew leśnych

Marta Kempf¹

¹ Zakład Genetyki, Nasiennictwa i Szkółkarstwa Leśnego, Instytut Hodowli i Ekologii Lasu, Wydział Leśny, Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja w Krakowie, al. 29 Listopada 46, 31-425 Kraków, Polska

m.kempf@ur.krakow.pl

Lasy są najbardziej zróżnicowanymi ekosystemami lądowymi, tworzącymi długowieczne i wieloprzestrzenne zespoły przyrodnicze, wywierające ogromny wpływ na stan całej biosfery. Szacuje się, że w Polsce zbiorowiska leśne zajmują ok. 30% powierzchni kraju. Dzięki dynamicznemu rozwojowi narzędzi genetyki konserwatorskiej możliwe staje się lepsze zrozumienie mechanizmów oraz genetycznych uwarunkowań funkcjonowania populacji drzew leśnych. Wiedza ta pozwala na podejmowanie skuteczniejszych działań z zakresu utrzymania i zachowania bogactwa genetycznego lasów dla przyszłych pokoleń. Od dwóch dekad, rozwój nauk leśnych ściśle wiąże się z powszechnym wykorzystywaniem w badaniach markerów molekularnych, które służą określaniu m.in. poziomu zmienności między- i wewnątrzpopulacyjnej drzew leśnych, powiązań filogenetycznych, szlaków migracji polodowcowych, możliwości dyspersji pyłku i nasion, weryfikacji systemu krzyżowania drzew, jak również analizie rodzicielstwa. Ważnym aspektem wykorzystania markerów molekularnych, szczególnie dla obiektów ochronnych, są badania z zakresu identyfikacji taksonomicznej oraz weryfikacji pochodzenia materiału rozmnożeniowego. Oprócz wprowadzania do praktyki leśnej najnowszych osiągnięć badań genetycznych, od wielu lat, w trosce o zachowanie i utrzymanie różnorodności genetycznej populacji drzew leśnych, prowadzone są jednocześnie wszechstronne działania z zakresu ochrony *in situ* i *ex situ*, których charakter i zakres dobierany jest zgodnie z rodzajem i wielkością chronionych obiektów, jak również skalą ich zagrożenia. Ważne jest, aby wszelkie działania w zakresie ochrony leśnych zasobów genowych wynikały z głęboko rozumianej potrzeby zachowania stabilności i bogactwa ekosystemów leśnych, uwzględniając jednocześnie oczekiwania ekonomiczno-społeczne stawiane lasom.

Słowa kluczowe: leśne zasoby genowe, leśnictwo wielofunkcyjne, markery molekularne, ochrona przyrody

The role of conservation genetics in the protection of forest tree populations

Marta Kempf¹

¹ Department of Genetics and Forest Tree Breeding, Institute of Forest Ecology and Silviculture, Faculty of Forestry, University of Agriculture in Krakow, 29 Listopada Av. 46, 31-425 Krakow, Poland

m.kempf@ur.krakow.pl

Forests are the most diverse terrestrial ecosystems, forming long-lived and large span nature complexes, exerting a great influence on the condition of the whole biosphere. It is estimated that in Poland forest communities account for approx. 30% of the country's area. Thanks to the dynamic development of the tools of conservation genetics, it becomes possible to better understand the mechanisms and genetic predispositions of the functioning of forest trees populations. This knowledge allows for undertaking more effective actions aimed at maintaining and preserving genetic wealth of forests for future generations. In the last two decades the development of forest sciences is closely linked to common use of molecular markers in research, which serve to determine, inter alia, the level of inter- and internal-population variability of forest trees, phylogenic links, routes of postglacial migrations, possibility of dispersal of pollen and seeds, verification of the system of interbreeding of trees, as well as the analysis of parental qualities. An important aspect of using molecular markers, especially for protected objects, are researches in the field of taxonomic identification and verification of origin of reproductive material. Apart from introduction of the latest achievements of genetic research into forest practice, for many years, in order to preserve and maintain genetic diversity of population of forest trees, at the same time comprehensive actions are conducted concerning *in situ* and *ex situ* conservation, whose nature and scope is chosen according to the kind and size of protected objects, as well as magnitude of the risk which they are subject to. It is important that all actions regarding the protection of forest genetic resources result from deeply understood need for preserving the stability and wealth of forest ecosystems, at the same time taking account of economic-social expectations set for forests.

Keywords: forest genetic resources, molecular markers, multifunctional forestry, nature conservation

Zróżnicowanie genetyczne populacji ryb a ochrona ichtiofauny w Polsce

Łukasz Napora-Rutkowski¹, Ludmiła Kolek¹

¹ Polska Akademia Nauk, Zakład Ichtiobiologii i Gospodarki Rybackiej w Gołyszach, Zaborze, ul. Kalinowa 2, 43-520 Chybie, Polska

napora.luk@gmail.com

Ponad połowa gatunków ryb występujących w Polsce zagrożona jest wyginięciem. W kraju prowadzonych jest wiele programów ochrony gatunkowej ryb, przy czym podkreślić należy, że wszystkie programy ochrony, a przede wszystkim restytucji gatunków powinny być oparte na wynikach badań genetycznych, obejmujących badania z zakresu genetyki konserwatorskiej. Prezentacja tłumaczy podstawowe pojęcia genetyki populacyjnej, wykorzystywane do scharakteryzowania populacji oraz przedstawia najczęściej wykorzystywane narzędzia molekularne. Zaprezentowane zostaną również wybrane projekty badań genetycznych populacji ryb występujących w Polsce, jak również wykorzystanie wyników tych badań w prowadzonych programach ochrony gatunkowej ryb.

Słowa kluczowe: genetyka konserwatorska, markery genetyczne, ryby, struktura genetyczna, zróżnicowanie genetyczne

Research on genetic diversity of fish in Poland and their application in species protection programs

Łukasz Napora-Rutkowski¹, Ludmiła Kolek¹

¹ Polish Academy of Sciences, Institute of Ichthyobiology and Aquaculture in Gołysz, Zaborze, Kalinowa 2, 43-520 Chybie, Poland

napora.luk@gmail.com

More than half of fish species in Poland are endangered. There are many species protection programs for fish in Poland. However, it is important to keep in mind that all protection programs, and above all, restitution of species should have strong genetic basis. We can obtain them through research conducted within the field of conservation genetics. Presentation introduce the basic concepts of population genetics used to characterize populations and the tools most commonly used for this purpose are presented and explained. The selected genetic studies of fish populations found in Poland are presented. The use of the results of these studies in conservation programs of these fish has also been described.

Keywords: conservation genetics, fish, genetic diversity, genetic markers, genetic structure

Znaczenie sekwencjonowania genomowego w genetyce konserwatorskiej

Remigiusz Arnak¹

¹ Macrogen INC., Meibergdreef 31, 1105 AZ Amsterdam-Zuidoost, Holandia

remig@macrogen-europe.com

Sekwencjonowanie następnej generacji (Next Generation Sequencing)- NGS to nowa, dynamicznie rozwijająca się technologia znajdująca zastosowanie w wielu dziedzinach biologii. Sekwencjonowanie całogenomowe (WGS) oraz re-sekwencjonowanie (WGR) pozwala na zweryfikowanie wielu markerów genetycznych w jednym eksperymencie, a ich rozdzielczość nie ogranicza się jedynie do odmian polimorfizmu pojedynczych nukleotydów (SNP). Ciągły wzrost przepustowości związany z rozwojem nowych platform sekwencjonujących wpływa na obniżenie kosztów sekwencjonowania, co konsekwentnie- czyni tę technikę atrakcyjnym narzędziem dla genetyki konserwatorskiej stwarzając nowe perspektywy do potencjalnych aplikacji. Next Generation Sequencing (NGS) it is a new, rapidly developing technology with potential of use on many fields of modern biology. Whole genome sequencing (WGS) and genome re-sequencing (WGR) allows to examine many genetic markers in one experiment. More importantly, its resolution is not limited to detection of single nucleotide polymorphism. Constantly increasing throughput resulting from development of the new sequencing platforms leads to prices drop-down, and this consequently renders this technique as a very attractive tool for conservation genetics creating new perspectives and potential applications.

Słowa kluczowe: NGS, resekwencjonowanie, sekwencjonowanie całogenomowe

Obce gatunki inwazyjne w obszarach polarnych

Katarzyna Chwedorzewska¹, Anna Znój¹

¹ Polska Akademia Nauk, Instytut Biochemii i Biofizyki, ul. Pawińskiego 5A, 02-106 Warszawa, Polska

kchwedorzewska@o2.pl

Antarktyka jest jednym z najbardziej izolowanych obszarów na Ziemi, jednak oddzielające go od reszty Świata bariery geograficzne i ekologiczne są przełamywane przez działalności człowieka. Presja ludzka na niewielkie wolne od lodu skrawki lądu wraz z gwałtownymi zmianami klimatycznymi w tym rejonie, powodują znaczący wzrost prawdopodobieństwa wystąpienia introdukcji gatunków obcych pochodzących z niższych szerokości geograficznych. Do tej pory odnotowano jedynie sporadyczne pojawianie się w tym rejonie gatunków obcych. Jedyną obcą rośliną kwiatową, która od prawie 40 lat jest obserwowana na Wyspie Króla Jerzego (Szetlandy Południowe, Antarktyka Zachodnia) jest *Poa annua*. Wieloletnie badania wykazały, że posiada ona szereg przystosowań które pozwoliły jej przetrwać i rozprzestrzenić się w specyficznych polarnych warunkach.

Słowa kluczowe: Antarktyka, gatunki obce, *Poa annua*

Invasive alien species in polar regions

Katarzyna Chwedorzewska¹, Anna Znój¹

¹ Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences, Pawińskiego 5A, 02-106 Warszawa, Poland

kchwedorzewska@o2.pl

Antarctica is one of highly isolated areas of the World. However the geographic and ecological barriers are regularly breaking by human activity. Human pressure concentrated on small, ice-free areas and with rapid climate change in this region cause significant increase of probability of alien species introduction from lower latitudes. The annual bluegrass *Poa annua* (Poaceae) is the only non-indigenous flowering plant species that has established a breeding population on King George Island (South Shetlands, Western Antarctica). Multidisciplinary research show that this species developed numerous characteristics make *P. annua* highly adaptable to polar environment.

Keywords: alien species, Antarctic, *Poa annua*

Invasive alien species in Iceland – overview, management and public influence

Menja von Schmalensee^{1, 2}, Róbert A. Stefánsson²

¹ West-Iceland Nature Research Centre, Hafnargatu 3, 340 Stykkishólmur, Iceland

² University of Iceland, Faculty of Life and Environmental Sciences, Sæmundargata 2, 101 Reykjavík, Iceland

menja@nsv.is

Iceland became an isolated island 20 million years ago. As most of its biota did not survive the last ice age, its current biota has been established during the past 10 thousand years. Human settlers have brought a number of alien species to the country. According to the NOBANIS database (www.nobanis.org) 390 alien species are now found in Icelandic nature, of which seven are categorized as invasive and 25 as potentially invasive. Thirteen species are of special concern; American mink *Neovison vison*, cow parsley *Anthriscus sylvestris*, Nootka lupine *Lupinus nootkatensis*, giant hogweed *Heracleum mantegazzianum*, European rabbit *Oryctolagus cuniculus*, Portuguese slug *Ari-on lusitanicus*, white-tailed bumblebee *Bombus lucorum*, heath star moss *Campylopus introflexus*, European physa *Physella acuta*, toothed wrack *Fucus serratus*, Atlantic rock crab *Cancer irroratus*, brown shrimp *Crangon crangon* and European flounder *Platichthys flesus*. These species have been approached with very different management priority, and many are not managed at all. Understanding why the species are treated so differently, might aid in the battle against them. When looking at factors such as their import and release process, the damage they have caused or are likely to cause, their visibility, reputation, “cuteness” and habitat types in combination with how or if they are managed, what seems to stand out is the importance of the species being known by the general public. Educating the public about invasive species is therefore of the utmost importance and probably a necessary prerequisite for management and preventing further establishment of new species.

Keywords: Iceland, invasive alien species, management, public education

American mink in Iceland.

History, management and a way forward

Róbert A. Stefánsson¹, Menja von Schmalensee²

¹ University of Iceland, Faculty of Life and Environmental Sciences, Sæmundargata 2, 101 Reykjavík, Iceland

² West-Iceland Nature Research Centre, Hafnargatu 3, 340 Stykkishólmur, Iceland

robert@nsv.is

The American mink *Neovison vison* was introduced to Iceland in 1931 for fur farming. Animals soon escaped and occupied most lowland areas by 1975. Nevertheless, the population continued to grow for another 30 years. The species has had negative impact on bird populations, in particular species nesting in holes, on floating nests or in dense colonies on islands. There are indications of negative effects on freshwater fish, especially the arctic char. The American mink has been extensively hunted within a bounty system in Iceland since the late 1930's, with an annual cost of 535,000 EUR (1989-2016). The two main hunting methods are the use of trained dogs to find dens, where mink are flushed out and shot, and various death traps. Hunting is allowed all year. An experimental eradication project was carried out in two areas (1,300 and 3,900 km²) in 2007-2009. Total eradication was not accomplished but the populations were reduced by 34 and 49% respectively because of the increased hunting effort. The design of the eradication programme did not follow the IUCN guidelines for the prevention of biodiversity loss caused by alien invasive species, as politics outranked advice given by scientists. Control of mink has probably reduced the damage from mink predation, but does not seem to have severely affected the total population size, possibly due to the nature of bounty systems. Nevertheless, experience has shown that locally, high hunting intensity keeps mink density low. With changes to the hunting system, we believe it should yield better success.

Keywords: American mink, Iceland, invasive species, *Neovison vison*, management

Obce i inwazyjne gatunki ryb w województwie zachodniopomorskim

Sławomir Keszka¹, Remigiusz Panicz²

¹ Zakład Akwakultury, Wydział Nauk o Żywności i Rybactwa, Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie, ul. Kazimierza Królewicza 4, 71-550 Szczecin, Polska

² Katedra Technologii Mięsa, Wydział Nauk o Żywności i Rybactwa, Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie, ul. Kazimierza Królewicza 4, 71-550 Szczecin, Polska

skeszka@zut.edu.pl

W wodach powierzchniowych województwa zachodniopomorskiego, które zajmują ponad 5% jego powierzchni występuje zespół 20 gatunków i hybrydów obcych ryb. Zostały scharakteryzowane ich drogi rozprzestrzeniania, źródła pochodzenia i znane oraz przypuszczalne oddziaływania na ekosystemy. Najważniejszym źródłem pochodzenia gatunków obcych jest akwakultura i akwarystyka. Najstarsze introdukcje miały miejsce już w XIII wieku, a ich apogeum miało miejsce w wieku XX. Obecnie w wodach województwa spotykane jest 20 gatunków obcych należących do: Acipenseridae (i ich hybrydy), Polyodontidae, Salmonidae, Cyprinidae, Pangasiidae, Gobiidae, jak i Centrarchidae. Na terenie województwa znajduje się także centrum dystrybucji gatunków obcych, którym jest kanał ciepły elektrowni Dolna Odra, które pełni funkcję „wyspy termicznej”, gdzie dogodne warunki przetrwania mają obce gatunki – w tym gatunki ryb.

Słowa kluczowe: gatunki inwazyjne, gatunki obce, introdukcje, ryby, województwo zachodniopomorskie

Non-native and invasive fish species in Western Pomerania

Sławomir Keszka¹, Remigiusz Panicz²

¹ Department of Aquaculture, Faculty of Food Sciences and Fisheries, West Pomeranian University of Technology, Szczecin, Kazimierza Królewicza 4, 71-550 Szczecin, Poland

² Department of Meat Sciences, Faculty of Food Sciences and Fisheries, West Pomeranian University of Technology, Szczecin, Kazimierza Królewicza 4, 71-550 Szczecin, Poland

skeszka@zut.edu.pl

In the surface waters of the West Pomeranian Voivodeship, which occupy more than 5% of its area, there are 20 of non-native species and hybrids. Spread routes, sources of origin, known and presumed impact on ecosystems have been characterized. The most important source of alien species is aquaculture and aquaria. The oldest introductions took place already in the 13th century and the apogee was in the 20th century. There are currently 20 alien species belonging to: Acipenseridae (and their hybrids), Polyodontidae, Salmonidae, Cyprinidae, Pangasiidae, Gobiidae, and Centrarchidae. The province also has an alien species distribution center, which is the warm canal of the “Dolna Odra” Power Plant, it acts as a “thermal island” where exotic species including fish species have convenient survival conditions.

Keywords: alien species, introductions, invasive species, non-native species, West Pomeranian Voivodeship

Invasive alien species – how do they affect us?

Nina Ljungquist¹, Mikhail Durkin¹

¹ Coalition Clean Baltic (CCB), Östra Ågatan 53, SE-753 22 Uppsala

nina.ljungquist@ccb.se

Invasive species are increasingly recognized as serious threats to aquatic ecosystem and biodiversity. As invasive species have been claimed to be the second biggest factor of biodiversity loss in general, it is reasonable to expect that biodiversity-related ecosystem services of the Baltic Sea will also be affected. These species can have effects both on natural systems, species and habitats, as well as negative consequences on human economy e.g. fisheries, tourism and aquaculture. NGOs due to wider network of volunteers and engaged people can play an active role in addressing the problem of invasive species both at sea coast as well as in the catchment areas of marine basins. Such input can comprise of traditional awareness raising and education, as well as applying citizen science tools to backup observation of invasive species with more simple but efficient methods. Also addressing specific pathways of invasive species can be a part of NGOs contribution. Spreading invasive species with marine litter represents such a case. Numerous studies on the colonization by marine organisms of drift debris showed that human litter significantly increases the rafting opportunities for biota. For the present there seem to be no satisfactory and/or practical answers to the varied problems plastic debris creates in marine settings. Longer term successes of beach clean-ups and prescribed action plans are questionable. There are clearly needs for new approaches including phasing out single-use plastics and seeking alternatives to plastics use..

Keywords: biodiversity loss, biological pollution, hitch-hikers, invasive species

Obce, w tym inwazyjne, gatunki ryb w polskich obszarach morskich

Michał Skóra¹

¹ Stacja Morska im. prof. Krzysztofa Skóry, Instytut Oceanografii, Wydział Oceanografii i Geografii, Uniwersytet Gdański, ul. Morska 2, 84-150 Hel, Polska

michal.skora@ug.edu.pl

Większość występujących obcych gatunków ryb w polskich obszarach morskich (POM) pojawiła się wcześniej w wodach śródlądowych Polski. W przeszłości do Morza Bałtyckiego docierały one jedynie w wyniku ucieczek z obiektów hodowlanych bądź spływając rzekami z miejsc zarybień. Współcześnie obce gatunki ryb w POM pochodzą z czterech źródeł. Pierwszym z nich są hodowle ryb, z których stale odnotowuje się ucieczki ryb (pstrąg tęczowy *Oncorhynchus mykiss*, pstrąg źródlany *Salvelinus fontinalis*, palia *Salvelinus alpinus*, jesiotr syberyjski *Acipenser baerii*, jesiotr rosyjski *Acipenser gueldenstaedtii*, sterlet *Acipenser ruthenus*); duża liczba tych ryb przenika do środowiska w okresie wezbrań i powodzi. Innym źródłem gatunków obcych notowanych w POM są akwaryści, którzy wypuszczają ryby o rozmiarach uniemożliwiających im dalszą ich hodowlą w warunkach domowych. Kolejną grupą ryb, która dociera do POM są gatunki, które w naturalny sposób nie dotarłyby do Morza Bałtyckiego, gdyby nie sztuczne kanały wodne łączące zlewiska różnych mórz. Wśród tych gatunków są przedstawiciele fauny ponto-kaspijskiej - ryby babkowate (babka łysa *Babka gymnotrachelus*, babka szczupła *Neogobius fluviatilis* i babka marmurkowata *Proterorhinus semilunaris* i sapa *Ballerus sapa*). Jedynym gatunkiem obcym, który dotarł do POM wodami balastowymi jest babka śniadogłowa *Neogobius melanostomus*. Jest to też jedyny gatunek inwazyjny na całym obszarze POM.

Słowa kluczowe: gatunki obce, Morze Bałtyckie, Zalew Szczeciński, Zalew Wiślany, Zatoka Gdańska, Zatoka Pomorska

Alien, including invasive, species of fish in Polish marine areas

Michał Skóra¹

¹ Prof. Krzysztof Skóra Marine Station of the Institute of Oceanography of the University of Gdansk, Morska 2, 84-150 Hel, Poland

michal.skora@ug.edu.pl

Majority of alien fish species that occur in the Polish Marine Areas (PMA) appeared firstly in Polish inland waters. In past, they only reached the Baltic waters as a consequences of escapes from fish farms or by downstream dispersal from the stocking areas. Nowadays the alien species in PMA come from four sources. One of them are fish farms, from where the fish escape continuously (rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*, brook trout *Salvelinus fontinalis*, Arctic char *Salvelinus alpinus*, Siberian sturgeon *Acipenser baerii*, Russian sturgeon *Acipenser gueldenstaedtii*, sterlet *Acipenser ruthenus*); large number of them entered to environment during high waters and floods. Another sources of alien species in PMA are aquarists that released specimens too large to keep them in domestic conditions. Other group of alien species consists of fish that would not be able to entered naturally the Baltic Sea without artificial water ways that connects different seas' basins. Among these species there are representative of Ponto-Caspian fishes: gobiids (racer goby *Babka gymnotrachelus*, monkey goby *Neogobius fluviatilis*, the western tubenose goby *Proterorhinus semilunaris*) and white-eye bream *Ballerus sapa*. The only species that reached the PMA by ballast waters is the round goby *Neogobius melanostomus*. Simultaneously, it is only invasive fish species at entire area of PMA.

Keywords: alien species, Baltic Sea, Gdańsk Bay, Pomeranian Bay, Szczecin Lagoon, Vistula Lagoon

Obce rośliny inwazyjne w Polsce

Magdalena Szenejko¹

¹ Katedra Ekologii i Ochrony Środowiska, Instytut Badań nad Bioróżnorodnością, Wydział Biologii, Uniwersytet Szczeciński, ul. Wąska 13, 71-415 Szczecin, Polska

magdalena.szenejko@usz.edu.pl

W skali globalnej, największa liczba naturalizowanych roślin obcego pochodzenia obok Ameryki Północnej (w samej Kalifornii obecne są 1753 gatunki) występuje na obszarach: Australazji oraz Europy. Jednakże to na wyspach Pacyfiku odnotowuje się ich największą koncentrację (GloNAF, *Global Naturalized Alien Flora*). Szacuje się, że w Europie wśród obcych składników flory i fauny, czyli 12 122 gatunków, około 50 % stanowią rośliny lądowe (DAISIE, *Delivering Alien Invasive Species Inventories for Europe*). Największy ich udział występuje w fitocenozach rejonów północno-zachodniej Europy, między innymi w: Belgii, Wielkiej Brytanii, Francji czy Szwecji. W Polsce są one reprezentowane przez około 301 gatunków, co stanowi 4,5 % w skali Europy. Wśród wszystkich „obcych przybyszów” notowanych w naszym kraju (875 gatunków według DAISIE i 1160 gatunków zgodnie z NOBANIS, *European Network on Invasive Alien Species*) około 10 % stanowią gatunki inwazyjne, negatywnie oddziałujące na rodzimą bioróżnorodność oraz zmieniające charakter i funkcjonowanie ekosystemów. „Roślinni najeźdźcy” dostali się na obszar Polski różnymi drogami, nie wszystkie są znane, lecz głównie: w trakcie transportu, nieświadomie zawleczone przez człowieka oraz w wyniku dyspersji nasion z udziałem zwierząt. Wiele z nich to rośliny ozdobne, uprawne lub użytkowe, najczęściej „uciekinierzy” z upraw, ogrodów botanicznych, bądź przydomowych ogródków. Ich liczba została oszacowana na 76, z czego około 21 stanowią te o największej kategorii inwazyjności (IV i III) w skali kraju. Należą one do kenofitów, które zostały sprowadzone do Polski w XIX, bądź XX wieku, głównie z: Ameryki Północnej, Azji oraz Europy. Wśród nich, znajdują się gatunki wpisane na listę 100 najbardziej inwazyjnych w Europie (*Prunus serotina* Ehrh., *Robinia pseudoacacia* L., *Elodea canadensis* Michx., *Heracleum mantegazzianum* Sommier et Levier, *Reynoutria japonica* (Houtt.) Ronse Decraene, *Echinocystis lobata* (F. Michx.) Torr. et A. Gray), czy też na świecie (*Impatiens glandulifera* Royle).

Słowa kluczowe: gatunek obcy, kenofity, rośliny inwazyjne, rozprzestrzenianie się, zdomowienie się, zagrożenia bioróżnorodności

Invasive alien plant species in Poland

Magdalena Szenejko¹

¹ Department of Ecology and Environmental Protection, Institute for Research on Biodiversity, Faculty of Biology, University of Szczecin, Wąska 13, 71-415 Szczecin, Poland

magdalena.szenejko@usz.edu.pl

The greatest number of naturalized alien species world-wide, apart from North America (in California alone, 1753 species of these plants are present), are to be found in Australasia and Europe. However, this is the Pacific Islands where their greatest concentration is being recorded (GloNAF, *Global Naturalized Alien Flora*). It is estimated that terrestrial plants constitute about 50% among the alien components of flora and fauna in Europe, i.e. 12,122 species (DAISIE, *Delivering Alien Invasive Species Inventories for Europe*). Their largest percentage occurs in the plant communities of Northwest Europe, among others in Belgium, Great Britain, France or Sweden. In Poland, they are represented by about 301 species, which makes 4.5% Europe-wide. Among all “alien newcomers” recorded in our country (875 species according to DAISIE and 1160 species according to NOBANIS, *European Network on Invasive Alien Species*), about 10% is represented by invasive species, adversely affecting to native biodiversity and modifying the nature and function of ecosystems. These “plant invaders” entered the area of Poland by different routes (not all are known yet) but were mainly imported during transport, unknowingly brought here by men, and as a result of seed dispersal by animals. Many of them are ornamental plants, arable crops or useful plants, most often “escapees” from farming, botanical gardens, or home gardens. Their number has been estimated nationwide at 76, of which about 21 are those of the highest invasiveness categories (4 and 3). They belong to kenophytes which were brought to Poland in the 19th or the 20th century, mainly from North America, Asia and Europe. Among them, there are species included in the list of 100 most invasive plants in Europe (*Prunus serotina* Ehrh., *Robinia pseudoacacia* L., *Elodea canadensis* Michx., *Heracleum mantegazzianum* Sommier et Levier, *Reynoutria japonica* (Houtt.) Ronse Decraene, *Echinocystis lobata* (F. Michx.) Torr. et A. Gray), or in the world (*Impatiens glandulifera* Royle).

Keywords: alien species, invasive plants, kenophytes, naturalization, propagation, threats to biodiversity

Norka amerykańska – gatunek inwazyjny i hodowlany

Magdalena Zatoń-Dobrowolska¹, Magdalena Moska¹

¹ Katedra Genetyki, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, ul. Kozuchowska 7, 51-631 Wrocław, Polska

magdalena.zaton-dobrowolska@upwr.edu.pl

Norka amerykańska *Neovision vision* należy do rodziny łasicowatych (Mustelidae). Jest to ssak charakteryzujący się silnym dymorfizmem płciowym, monoestryczny, którego rozród jest mocno zróżnicowany w zależności od obszaru występowania. Norka preferuje siedliska nadmorskie o szerokich strefach przybrzeżnych. Jest to zwierzę drapieżne, które jest terytorialne, a jego dieta składa się głównie z gryzoni, ryb, skorupiaków, płazów i ptaków. Pierwotny zasięg występowania norki amerykańskiej ograniczał się do terytorium Kanady oraz części Stanów Zjednoczonych. Obecnie jako gatunek inwazyjny jest spotykany na terytorium Europy oraz Azji i Ameryki Południowej. Jej ekspansja związana jest ściśle z rozwojem hodowli. W krajach europejskich występowanie norki amerykańskiej jest mocno zróżnicowane zarówno pod względem rozprzestrzenienia, jak i wielkości dziko żyjącej populacji. Gatunki inwazyjne oddziałują niekorzystnie na rodzimą faunę i florę, głównie poprzez albo bezpośrednie zagrożenie albo konkurencję o siedlisko czy pokarm. Także w przypadku norki amerykańskiej stwierdzono istotny wpływ zarówno na ssaki, ptaki zarówno gniazdujące na ziemi jak i wodne oraz płazy czy skorupiaki. Z drugiej strony w Kanadzie stwierdzono istotny wpływ hodowli norki na obniżenie stanu populacji norki dzikiej, która jest endemiczna dla Ameryki. Wiąże się to z występowaniem hybrydyzacji między norkami fermowymi a dzikimi. Ze względu na duże obecnie różnice morfologiczne, anatomiczne i genetyczne działa to niekorzystnie na populację zaburzając dostosowanie zwierząt do warunków bytowania. Problem oddziaływania norki amerykańskiej jako gatunku inwazyjnego na rodzimą faunę jest istotny. Potrzebne jest rozsądne i dobrze zaplanowane działanie, które pozwoliłoby kontrolować populacje dziko żyjącą tego gatunku, a które powinno być zintegrowane i obejmować wszystkie rejony występowania norki. Można wyróżnić kilka strategii, do których należą: realizowane polowania, ciągła kontrola stanu populacji oraz wytępienie gatunku. Czasem spotykane są mieszane strategie, łączące dwa różne podejścia. Można dodatkowo prowadzić kontrolę stanu populacji poprzez kontrolę siedliska, wprowadzanie czy odzyskiwanie gatunków będących naturalnymi konkurentami norki amerykańskiej, zarządzanie dostępnością pokarmu czy lepszą ochroną farm przed ucieczkami zwierząt, co może ostatecznie doprowadzić do zmniejszenia występowania tego gatunku w środowisku. Istotne wydaje się opracowanie całego systemu zarządzania gatunkami inwazyjnymi, w ramach którego pod uwagę powinny być brane wszystkie aspekty dotyczącego danego gatunku, nie tylko te negatywne, ale także jego występowanie w naturalnym środowisku oraz znaczenie ekonomiczne.

Słowa kluczowe: gatunek inwazyjny, hodowla, norka amerykanka, zarządzanie

The American mink – an invasive and domesticated species

Magdalena Zatoń-Dobrowolska¹, Magdalena Moska¹

¹ Department of Genetics, Faculty of Biology and Animal Science, Wrocław University of Environmental and Life Sciences, Koźuchowska 7, 51-631 Wrocław, Poland

magdalena.zaton-dobrowolska@upwr.edu.pl

The American mink *Neovision vision* is a species of mustelid (Mustelidae). This mammal displays strong sexual dimorphism, is monoestric, whose reproduction is very differential according to the geographic range. The American mink prefers seaside habitats with wide coastal zones. They are also found at the river mouths, along the rivers and around canals located close to urbanised areas. It is territorial and predatory species with diet which consists mainly of rodents, fish, crayfish, amphibians and birds. Primarily the range of the American mink was limited to Canada and a part of the United States. Currently this invasive species also can be found in Europe, Asia and South America. Expansion of this animal is strictly connected with the development of mink fur farming. In the European countries occurrence of this species is strongly differentiated both in terms of spread and size of the feral population. Invasive species, as confirmed by multiple research reports, exert detrimental effects on native flora and fauna, mostly by posing a direct threat or competing for the habitat or food. Also the population of the American mink has a considerable impact on mammals, ground-nesting birds and waterfowl, amphibians and crayfish. On the other hand, it has been shown that concentration of mink farms in Canada has a strong impact on decreasing the population of wild mink, which is native to America. This is due to the hybridisation between the farmed and wild animals. Because of the large morphological, anatomical and genetic differences, this is adversely affecting the population, disrupting the adaptation of animals to living conditions. The problem of the impact of American mink as an invasive species on native fauna is a significant problem. Development of a rational and well-planned strategy is necessary to control the number of wild non-native populations of this species and it should be integrated and cover all mink occurrences regions. Few types of strategies have been implemented so far: live trapping, continuous population monitoring and eradication of the species. Sometimes mixed strategies based on two different approaches are implemented. Additionally other strategies can be introduced like manipulation of habitat, introduction or promotion of the natural recovery of native mink competitors, management of prey species and prevention of escapes for mink farms, which may eventually lead to a reduction in the occurrence of this species in the environment. It seems significant to develop the entire management system for invasive species, which should take into account all aspects of the species, not only the negative but also its occurrence in the natural environment and economic importance.

Keywords: American mink, fur farming, invasive species, management, *Neovision vision*

Żegluga a wektory introdukcji obcych gatunków do polskich wód morskich

Piotr Gruszka¹, Joanna Rokicka-Praxmayer²

¹ Zakład Ekologii Wód, Instytut Morski w Gdańsku, ul. Długi Targ 41/42 St., 80-830 Gdańsk, Poland

² Wydział Nauk o Żywności i Rybactwa, Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie, ul. Królewicza Kazimierza 4, 71-550 Szczecin, Poland

Piotr.Gruszka@im.gda.pl

Żegluga jest jednym z głównych sposobów wprowadzania obcych gatunków (NIS) do nierodzimych ekosystemów i ich tam wtórnego rozprzestrzeniania się. Organizmy żyjące zazwyczaj w toni wodnej, ale i fauna denna, mogą być przenoszone w zbiornikach balastowych statków. Gatunki bentosowe mogą również wykorzystywać kadłuby i inne twarde podłoża "oferowane" przez statki (organizmy poroślowe, biofouling). Są to dwa podstawowe wektory związane z żeglugą, przy pomocy których gatunki są przenoszone z jednego regionu geograficznego do innego poprzez morza i oceany (żegluga morska) lub wzdłuż żeglownych rzek i sztucznych dróg wodnych, tj. kanałów, które często łączą naturalnie odosobnione zlewiska mórz, z jednej strony kontynentu na drugi (żegluga śródlądowa). Kanały umożliwiają również rozprzestrzenianie się gatunków wodnych w sposób naturalny. Estuaria Odry i Wisły, gdzie stykają się szlaki żeglugi morskiej i żeglugi śródlądowej, stanowią szczególnie ważne obszary introdukcji inwazyjnych gatunków obcych (IAS) do Morza Bałtyckiego i polskich wód. Stamtąd mogą rozproszyć się dalej i zainicjować nowe inwazje w innych miejscach na Bałtyku i/lub na obszarze jego zlewiska. Rozprzestrzenianiu za pomocą żeglugi można przypisać ponad 50 NIS stwierdzonych w polskich wodach morskich. W prezentacji są one pogrupowane według ich pochodzenia, formacji ekologicznej, wyższego taksonu i różnych okresów ich introdukcji. Przedstawiono możliwe wektory odpowiedzialne za ich przenoszenie. Świadomość istnienia zagrożeń związanych ze zrzucaniem wody balastowej i jej skutków szczególnie wzrosła pod koniec ubiegłego wieku, co doprowadziło do przyjęcia w 2004 r. Międzynarodowej konwencji o kontroli i zarządzaniu wodami i osadami balastowymi statków (konwencja BWM 2004). Konwencja weszła w życie w dniu 8 września 2017 r. Nie istnieją jednak wiążące przepisy mające na celu zminimalizowanie ryzyka wprowadzenia IAS w związku z porastaniem kadłubów. Praktyki mające na celu kontrolę i zarządzanie biofoulingiem w żegludzie morskiej i śródlądowej mogą znacznie pomóc w ograniczeniu ryzyka przeniesienia IAS. Bez tego, nawet najlepiej funkcjonująca konwencja BWM nie będzie w stanie zapobiegać dalszemu wprowadzaniu obcych gatunków do obszarów przybrzeżnych.

Słowa kluczowe: gatunki obce, konwencja BWM, organizmy poroślowe, polskie wody morskie, wody i osady balastowe, żegluga morska i śródlądowa

Shipping and vectors of introduction of alien species into Polish marine waters

Piotr Gruszka¹, Joanna Rokicka-Praxmayer²

¹ Department of Ecology, Maritime Institute in Gdańsk, Długi Targ 41/42 St., 80-830 Gdańsk, Poland

² Department of Marine Ecology and Environmental Protection, Faculty of Food Sciences and Fisheries, West Pomeranian University of Technology in Szczecin, Królewicza Kazimierza 4 St., 71-550 Szczecin, Poland

Piotr.Gruszka@im.gda.pl

Shipping is one of the main pathways of introductions of the non-indigenous species (NIS) into and their secondary dispersal through non-native ecosystems. Organisms living typically in water column, but bottom fauna too, can be accumulated in ships' ballast tanks. Bottom species can also use hulls and other hard substrates "offered" by ships (biofouling). These are the two basic physical means (vectors) related to shipping by which species are transported from one geographic region to another across the oceans (sea going ships) or along navigable rivers and artificial waterways, i.e. canals that often join naturally isolated drainage areas, from one side of a continent to another (inland shipping). Canals enable the spread of aquatic species in a natural way as well. It is in the estuaries of two rivers, the Odra/Oder and the Vistula, where the maritime shipping and inland shipping/canals pathways meet, forming two important hot spots of invasive aquatic species (IAS) introductions into the Baltic Sea and the Polish waters. From there, they can disperse further and initiate new invasions elsewhere in the Baltic and/or adjacent river basins. Shipping mediated introductions can be attributed to more than 50 NIS reported from the Polish marine waters. In the presentation, they are grouped according to their origin, life form, higher taxon, and different time periods of their introductions. Possible vectors involved in their transmission are presented. Awareness of the existence of the threats related to the discharging of ballast water and its consequences notably increased in the end of the last century, which resulted in the adoption of the International Convention for the Control and Management of Ships' Ballast Water and Sediments, 2004 (BWM Convention). The Convention entered into force on 8 September 2017. But there is no binding regulations adopting measures to minimize the risk of introducing IAS via biofouling. Practices to control and manage ships' biofouling implemented in both maritime and inland shipping can greatly assist in reducing the risk of the IAS transfer. Without that, even the best functioning BWM Convention will be not able to prevent further introductions of alien species into coastal areas.

Keywords: alien species, ballast water and sediment, biofouling, BWM Convention, maritime and inland shipping, Polish marine waters

Invasive species in aquatic ecosystems in Montenegro: an overview

Vladimir Pestic¹

¹ Department of Biology, Faculty of Natural Sciences and Mathematics, University of Montenegro,
Cetinjski put b.b., 81000 Podgorica, Montenegro

vladopesic@gmail.com

Keywords: aquatic ecosystem, invasive species, Montenegro

STRESZCZENIA POSTERÓW

POSTERS' ABSTRACTS

Możliwość wykrywania zaburzeń rozwojowych w populacjach inwazyjnych gatunków

Jakub Goczał¹

¹ Wydział Leśny, Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie, al. 29 Listopada 46, 31-425 Kraków, Polska

j.goczal@wp.pl

Inwazje biologiczne stanowią istotne zagrożenie dla bioróżnorodności oraz gospodarki. Niemniej jednak, stwarzają również możliwość obserwacji podstawowych procesów biologicznych działających w nowych warunkach. Intensywne badania nad mechanizmami rozmaitych procesów towarzyszącymi inwazjom, przyczyniły się znacząco do rozwoju wiedzy z zakresu ekologii i biologii ewolucyjnej. W początkowych etapach inwazji, obcy gatunek jest szczególnie narażony na niekorzystny wpływ różnych czynników, które mogą generować stres i powodować zaburzenia rozwojowe. Obecnie najczęściej używaną miarą zaburzeń rozwojowych jest asymetria fluktuacyjna. Celem pracy było porównanie wzorców asymetrii pomiędzy rodzimą oraz inwazyjną populacją istotnego gospodarczo szkodnika drzew leśnych – ściigi matowej. Pomiar asymetrii oparty był na morfometrii geometrycznej skrzydeł błoniastych. Poziom asymetrii fluktuacyjnej był znacznie wyższy w inwazyjnej populacji badanego gatunku. Osobniki pochodzące z inwazyjnej populacji charakteryzowały się ponadto mniejszymi rozmiarami ciała. Otrzymane wyniki wskazują na obecność czynników stresowych powodujących zaburzenia rozwojowe w introdukowanej populacji. Jak potencjalne czynniki stresowe można wymienić małą różnorodność genetyczną, niekorzystne czynniki środowiskowe oraz konkurencje ze strony rodzimych gatunków.

Słowa kluczowe: gatunki inwazyjne, gatunki obce, ściiga matowa, *Tetropium fuscum*, zaburzenia rozwojowe

The possibility of detection of developmental disturbances in invasive species populations

Jakub Goczał¹

¹ Faculty of Forestry, University of Agriculture in Krakow, 29 Listopada Av. 46, 31-425 Krakow, Poland

j.goczal@wp.pl

Biological invasions pose a threat to global biodiversity and economy. Nevertheless, they also provide the opportunity to study various ecological and evolutionary processes running under new circumstances. Invasive species populations are particularly exposed to different stress factors which may affect their developmental trails and induce developmental disturbances. The level of developmental instability is commonly estimated by measuring of fluctuating asymmetry. The study goal was to investigate the potential differences in asymmetry patterns between native and invasive population of the brown spruce longhorn beetle, which is considered harmful invasive pest. The level of asymmetry was estimated based on hind wings measurements. Markedly higher asymmetry was found in invasive population. Furthermore, species from invaded area were significantly smaller than individuals from the native range. The obtained results indicated the occurrence of stress factors in invasive species population of the brown spruce longhorn beetle. Low genetic diversity of invasive population, unfavorable environmental conditions and competition were suggested as potential stressors.

Keywords: alien species, brown spruce longhorn beetle, developmental disorders, invasive species, *Tetropium fuscum*

Bank próbek biologicznych ryb Polski – cele i założenia

Łukasz Napora-Rutkowski¹

¹ Zakład Ichtiobiologii i Gospodarki Rybackiej w Gołyszach, Polska Akademia Nauk, Zaborze, ul. Kalinowa 2, 43-520 Chybie, Polska

napora.luk@gmail.com

Celem utworzenia banku próbek tkanek ryb jest gromadzenie oraz katalogowanie materiału biologicznego pobieranego od ryb odławianych w wodach Polski, jak również umożliwienie dostępu do niego wszystkim zainteresowanym jego wykorzystaniem w celach naukowych oraz prowadzenia prac konserwatorskich. Co roku w Polsce przeprowadzane jest wiele odłowów ryb w ramach prowadzonych badań monitoringowych ichtiofauny rzek i jezior. Organizowane jest również wiele rodzajów innych odłowów w trakcie których określa się gatunek schwytanych ryb jak i wykonywane są osobnicze pomiary długości oraz masy. Rzadko natomiast pobiera się i konserwuje próbki tkanki od odławianych ryb. Do przeprowadzenia badań genetycznych wystarczy pobranie skrawka płetwy lub łuski a następnie utrwalenie go w alkoholu (etanolu) lub wysuszenie. Próbki te mogą być przechowywane przez dziesiątki lat i służyć pokoleniom naukowców. Pobranie ich jest łatwe, szybkie oraz minimalnie inwazyjne. W przypadku mniejszych osobników lub będących pod ochroną, możliwe jest pobieranie wymazu śluzu za pomocą jałowego patyczka oraz utrwalanie w etanolu, co jest metodą nie inwazyjną. Kolekcja takich próbek umożliwia prowadzenie badań struktury genetycznej naturalnie występujących populacji ryb oraz monitorowanie jej zmian w czasie. Można przeprowadzić tzw. badania barkodingowe DNA w celu określenia gatunku odławianych ryb w przypadku wątpliwości co do oznaczenia. Możliwe jest także badanie efektywności zarybień jak i określenie ich wpływu na zmiany struktury populacji. Celem przedstawianego posteru jest rozpowszechnienie inicjatywy i działalności powstającego banku oraz nawiązanie współpracy z ichtiologami i naukowcami zainteresowanymi współpracą jak i prowadzeniem badań z wykorzystaniem kolekcji próbek tkanek ryb odławianych w Polskich wodach.

Słowa kluczowe: genetyka konserwatorska, markery genetyczne, ryby, zróżnicowanie genetyczne, zróżnicowanie populacji

Bank of biological samples of fish living in Poland – goals and objectives

Łukasz Napora-Rutkowski¹

¹ Polish Academy of Sciences, Institute of Ichthyobiology and Aquaculture in Gołysz, Zaborze, Kalinowa 2, 43-520 Chybie, Poland

napora.luk@gmail.com

The purpose of creation of fish tissue samples bank is gathering and cataloguing of biological material obtained from the fish caught in Polish waters and to enable all interested in it to use it for scientific purpose as well as conservation works. Every year in Poland many fish catches are carried out as a part of the monitoring programs of rivers and lakes conditions. There are also many types of other catches during which the species of captured fish are determined and measurements of length and mass of individuals are conducted. Rarely, the tissue samples are collected and preserved. To carry out the genetic tests, it is enough to take a piece of a fin or scales and then fix it in alcohol (ethanol) or dry it. These samples can be stored for decades and serve the generations of scientists. It is easy, quick and minimally invasive to obtain them. For smaller or protected individuals, it is possible to obtain mucus smears using sterile sticks and ethanol fixation, which is non-invasive. The collection of such specimens makes it possible to study the genetic structure of naturally occurring fish populations and to monitor its changes over time. In case of difficulties in species determination it is possible to perform DNA barcoding tests. It is also possible to study the effectiveness of restocking and to determine their impact on population structure changes. The aim of the presented poster is to disseminate the initiative and activity of the emerging collection and to cooperate with ichthyologists and scientists interested in cooperation as well as conducting research using the collection of fish tissue samples taken in Polish waters.

Keywords: conservation genetics, genetic diversity, fish, molecular marker, population variety

Rak sygnałowy *Pacifastacus leniusculus* – inwazja w przymorskiej rzece Wieprzy

Aldona Dobrzycka-Krahel¹, Michał Skóra², Anna Szaniawska¹

¹ Zakład Ekologii Eksperymentalnej Organizmów Morskich, Instytut Oceanografii, Wydział Oceanografii i Geografii, Uniwersytet Gdański, al. Marszałka Piłsudskiego 46, 81-378 Gdynia, Polska

² Stacja Morska im. Profesora Krzysztofa Skóry, Instytut Oceanografii, Wydział Oceanografii i Geografii, Uniwersytet Gdański, ul. Morska 2, 84-150 Hel, Polska

aldona.dobrzycka-krahel@ug.edu.pl

Rak sygnałowy *Pacifastacus leniusculus* pochodzi z Ameryki Północnej. W 1960 r. gatunek ten został introdukowany do Szwecji, a następnie do innych krajów europejskich (w latach 70-tych XX w. do Polski). Aktualnie jest jednym z najbardziej rozprzestrzenionych gatunków raków w Europie. Jego niezwykła plastyczność w stosunku do czynników środowiskowych tj. zasolenie, temperatura, szerokie spektrum pokarmowe, jak również duża agresja w stosunku do rodzimych raków oraz odporność na dżumę raczą *Aphanomyces astaci*, powoduje, że jest bardzo ekspansywnym gatunkiem. W latach 90-tych XX w. został introdukowany w celach hodowlanych do dorzecza Wieprzy - przybrzeżnej, pomorskiej rzeki uchodzącej do Morza Bałtyckiego w środkowej części polskiego wybrzeża. Celem pracy było zweryfikowanie informacji o jego obecności w Wieprzy, określenie rozmieszczenia, skali i kierunku inwazji w dorzeczu po 20 latach od jego introdukcji oraz wpływu na erozję brzegu rzeki. Raki poławiano w maju, czerwcu i lipcu 2014 r. przy pomocy pułapek typu "Pirat" lub ręcznie. Na każdym z 28 stanowisk wystawiano na noc dwie pułapki z przynętą. Dodatkowo dokonywano pomiarów szerokości, wysokości i głębokości norek. Obecność raka sygnałowego stwierdzono na ośmiu stanowiskach (łącznie zebrano 127 osobników). W rejonie badań nie odnotowano rodzimych gatunków raków. Rak sygnałowy licznie występował - niedaleko ujścia Wieprzy do Morza Bałtyckiego - w Darłowie, jak również w dwóch z trzech zbiorników zaporowych położonych w środkowym biegu rzeki. Ponadto dużą liczebność raka stwierdzono w górnym dopływie rzeki – w Studnicy. Rak sygnałowy występował na stanowiskach, gdzie zasolenie wynosiło od 0 do 0,1 PSU, temperatura od 12,7 do 24,3°C, pH od 7,57 do 8,32, natlenienie od 46 do 98%. Średnio norki miały 87,5 mm szerokości, 60 mm wysokości i 105 mm głębokości. Jego obecność w naturalnym środowisku jest efektem ucieczki z gospodarstw rybackich. W przyszłości może rozprzestrzenić się do sąsiednich rzek i wód przybrzeżnych Morza Bałtyckiego, w którym był już notowany wcześniej: w 1960 r. w Zatoce Botnickiej, a w 2010 r. u wybrzeży Danii. Zaobserwowano, że może stanowić pokarm dla mewy srebrzystej *Larus argentatus*, a jego aktywność bioturbacyjna zwiększa erozję brzegów rzecznych.

Słowa kluczowe: bioróżnorodność, ekspansja, gatunek obcy, *Pacifastacus leniusculus*, rozmieszczenie

The signal crayfish *Pacifastacus leniusculus* – invasion in Wieprza coastal river

Aldona Dobrzycka-Krahel¹, Michał Skóra², Anna Szaniawska¹

¹ Department of Experimental Ecology of Marine Organisms, Institute of Oceanography, Faculty of Oceanography and Geography, University of Gdansk, al. Marszałka Piłsudskiego 46, 81-378 Gdynia, Poland

² Professor Krzysztof Skóra Hel Marine Station, Institute of Oceanography, Faculty of Oceanography and Geography, University of Gdansk, Morska 2, 84-150 Hel, Poland

aldona.dobrzycka-krahel@ug.edu.pl

The signal crayfish *Pacifastacus leniusculus* is of North American origin. In 1960 this species was introduced to Sweden and later to other European countries (in the 70s of the 20th century to Poland). It is currently one of the most widespread species of crayfish in Europe. Its plasticity in relation to environmental factors, such as salinity, temperature, wide food spectrum as well as aggression to native crayfish and resistance to the crayfish plague *Aphanomyces astaci*, makes it a very expansive species. In the 1990s, it was introduced for breeding purposes to the Wieprza river basin. The aim of the study was to verify information about the signal crayfish presence in Wieprza River, determine distribution, scale and direction of its invasion in the basin after 20 years of deliberate releases and its effect on river bank erosion. Crayfish were caught between May and July in 2014 with use of the "Pirate" crayfish traps or by hand. At each of 28 sampling sites, two traps were set during night. Additionally burrow width, height and length were measured. The presence of the signal crayfish was reported at eight sites (127 individuals included). There were no native species of crayfish. The high number of signal crayfish was noted near the river mouth to the Baltic Sea, as well as in two of three reservoirs situated in the middle course of the Wieprza River. Occurrence of the signal crayfish was also observed in the upper tributary of the river – Studnica. Occurrence of signal crayfish was noted at sites where salinity was 0 to 0.1 PSU, temperature from 12.7 to 24.3 °C, pH from 7.57 to 8.32, oxygenation from 46 to 98%. Mean burrow dimensions were estimated: burrow entrance widths of 87.5 mm, height of 60 mm, lengths of 105 mm. Its presence in the natural environment is the result of an escape from fish farms. In future it could spread to neighboring rivers and coastal waters of the Baltic Sea, where it had already been recorded before: in 1960 in the Gulf of Bothnia and in 2010 in Denmark. It has been observed that it can be eaten by the silver gull *Larus argentatus* and its bioturbation activity increases the erosion of river banks.

Key words: alien species, biodiversity, distribution, expansion, *Pacifastacus leniusculus*

Techniki genetyczne w identyfikacji chorobotwórczej bakterii *Listeria monocytogenes*

Barbara Szymczak¹, Kamila Muskalska¹

¹ Katedra Mikrobiologii i Biotechnologii Stosowanej, Wydział Nauk o Żywności i Rybactwa, Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie, ul. Papieża Pawła VI 3, 71 - 459 Szczecin, Polska

barbara.szymczak@zut.edu.pl

Listeria monocytogenes jest chorobotwórczą bakterią dla człowieka, wywołującą chorobę zwaną listeriozą. W obrębie gatunku wyróżnia się 12 serotypów, z których trzy: 1/2a, 1/2b i 4b odpowiedzialne są za wywoływanie 96% zachorowań, w tym 50% przypadków w skali światowej wywołuje serotyp 4b. Tolerancja na ekstremalne warunki środowiskowe tj.: niskie pH, niską temperaturę oraz wysokie zasolenie powoduje, że jest szeroko rozpowszechniona w wielu środowiskach m. in. takich, jak: woda, żywność, gleba, ścieki czy pasze. W związku ze zwiększającą się liczbą zgłaszanych przypadków zachorowań na listeriozę na świecie, poszukuje się skutecznych metod wykrywania, identyfikacji i różnicowania pałeczek *L. monocytogenes*, jako czynnika etiologicznego tych zakażeń. Tradycyjne metody izolacji i identyfikacji tych bakterii zgodnie z normach ISO 11290-1: 2005 oparte są na mikrobiologicznych posiewach płytkowych. Metody te są czasochłonne (czas trwania analizy do 5 dni) i nie dają jasnej informacji, czy wyizolowany szczep *L. monocytogenes* jest chorobotwórczy. Dlatego rozwiązaniem jest wykorzystanie metod genetycznych. Celem badań jest charakterystyka różnych metod genetycznych wykorzystywanych w identyfikacji bakterii na przykładzie *L. monocytogenes*. Materiał badawczy stanowiło: 260 szczepów wyizolowanych z różnych środowisk: żywności (100), gleby (25), wymazów ze środowiska okołoprodukcyjnego (100), kału zwierząt dzikich (35) na terenie woj. zachodniopomorskiego. W badaniach wykorzystano kilka technik genetycznych, m.in. multiplex PCR, Real-Time PCR oraz określono występowanie 12 ważniejszych genów wirulencji *L. monocytogenes*: *hly*, *iap*, *prfA*, *inlA*, *inlB*, *inlC*, *inlJ*, *mpl*, *actA*, *plcA*, *plcB*, *lvsX* metodą PCR. Szczepy potwierdzono do gatunku *L. monocytogenes* na podstawie amplifikacji fragmentów genu *hly* (Real-Time PCR) i *prfA* (multiplex PCR). Wszystkie badane szczepy posiadały gen *hly* i *prfA*, natomiast wykazano brak genu *iap*. Najmniejszą liczbę szczepów stanowili przedstawiciele serogrupy III (1.5%), natomiast najliczniejszą serogrupa IB (58%) i IIA (40.4%). Rozróżnianie w obrębie grup serotypowych umożliwiają następujące geny: *inlB*, *lvsX*, *inlC*, *inlJ*, pozostałe geny występowały u wszystkich badanych szczepów. Szczepy o serotypach 1/2a, 1/2b i 4b określane jako chorobotwórcze występują sporadycznie, i większości przypadków związane są ze środowiskiem naturalnym i okołoprodukcyjnym, rzadziej z żywnością. Metody genetyczne są skutecznym narzędziem wykrywania, identyfikacji i różnicowania pałeczek *L. monocytogenes*. Stosowanie tych technik pozwala na szybsze i skuteczniejsze wykrywanie i opracowywanie epidemicznych ognisk wywołanych przez zakażenie bakteriami *L. monocytogenes*.

Słowa kluczowe: geny wirulencji, *Listeria monocytogenes*, PCR

Genetic techniques in disease identification of *Listeria monocytogenes* bacteria

Barbara Szymczak¹, Kamila Muskalska¹

¹ Department of Microbiology and Applied Biotechnology, Faculty of Food Science and Fisheries, West Pomeranian University of Technology, Papieža Pawła VI 3, 71 - 459 Szczecin, Poland

barbara.szymczak@zut.edu.pl

Listeria monocytogenes is a pathogenic bacterium that causes a disease called listeriosis. There are 12 serotypes within the species, of which three: 1/2a, 1/2b and 4b are responsible for causing 96% of cases, including 50% of cases worldwide causing serotype 4b. Tolerance to extreme environmental conditions: low pH, low temperature and high salinity make it widely available in many environments, among others such as: water, food, soil, sewage or feed. Due to the increasing number of reported cases of listeriosis in the world, effective methods of detecting, identifying and differentiating sticks are sought. *L. monocytogenes*, as an etiologic agent of these infections. Traditional methods of isolation and identification of these bacteria in accordance with ISO 11290-1: 2005 standards are based on microbial platelet cultures. These methods are time-consuming (duration of analysis up to 5 days) and do not provide clear information as to whether the isolated strain of *L. monocytogenes* is pathogenic. Therefore, the solution is to use genetic methods. The purpose of the study is to characterize the various genetic methods used for the identification of bacteria on the example of *L. monocytogenes*. The research material consisted of 260 strains isolated from different habitats: food (100), soil (25), smear from the peri-productive environment (100), faeces of wild animals (35) West Pomeranian. Several genetic techniques have been used in the study. Strains were confirmed for *L. monocytogenes* on the basis of amplification of *hly* (Real-Time PCR) and *prfA* (multiplex PCR) gene fragments. The presence of 12 major virulence genes of *L. monocytogenes*: *hly*, *iap*, *prfA*, *inlA*, *inlB*, *inlC*, *inlJ*, *mpl*, *actA*, *plcA*, *plcB*, *lIsX* by the PCR method. All strains tested *hly* and *prfA* genes, but no *iap* gene was shown. The smallest number of strains were representatives of serogroup III (1.5%), while the largest serogroups were IB (58%) and IIA (40.4%). Differentiation within serotypes allows the following genes *inlB*, *lIsX*, *inlc* *inlJ*, the remaining genes were present in all tested strains. Strains with seropositivity 1/2a, 1/2b and 4b are termed pathogenic, and most cases are related to the environment and perioperative, less often with food. Genetic methods are an effective tool for the detection, identification and differentiation of *L. monocytogenes*. Using these techniques allows for faster and more effective detection and development of epidemic foci caused by infection with *L. monocytogenes*.

Keywords: *Listeria monocytogenes*, PCR, virulence genes

Obce i inwazyjne gatunki zwierząt w pokarmie ryb drapieżnych z Zatoki Pomorskiej

Jarosław Dąbrowski¹, Beata Więcaszek¹, Klaudia Górecka¹

¹ Katedra Hydrobiologii, Ichtiologii i Biotechnologii Rozrodu, Wydział Nauk o Żywności i Rybactwa, Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie, ul. K. Królewicza 4, 71-550 Szczecin, Polska

beata.wiecaszek@zut.edu.pl

W ciągu czterech lat badań (2011 – 2015) wykonano analizę żołądków czterech gatunków ryb drapieżnych zamieszkujących Zatokę Pomorską – dorsza *Gadus morhua* (148 żołądków), sandacza *Sander lucioperca* (143), okonia *Perca fluviatilis* (319) i babki krągłej *Neogobius melanostomus* (75). Zawartość żołądka oznaczano pod binokularami Nikon SMZ 1000 i Motic Seria K. W ramach analizy dyskryminacyjnej dokonano za pomocą analizy funkcji klasyfikacyjnej porównania składu pokarmu każdego z drapieżników, do pokarmu wyidealizowanego jednego drapieżnika. Sprawdzono także, czy i w jakim stopniu nakładają się nisze pokarmowe badanych drapieżników. W pokarmie badanych ryb stwierdzono 21 taksonów bezkręgowców (z gromad Gastropoda, Bivalvia, Cirripedia, Malacostraca) oraz 11 taksonów ryb (z rodzin Clupeidae, Osmeridae, Gadidae, Percidae, Gobiidae, Zoarcidae, Ammodytidae, Pleuronectidae). Zanotowano 6 gatunków obcych i inwazyjnych - pąklę bałtycką *Amphibalanus improvisus*, kielża *Chaetogammarus ischnus*, krewetkę atlantycką *Palaemon elegans*, krabika amerykańskiego *Rhithropanopeus harrisii*, piaskołaza *Mya arenaria* i babkę krągłą *Neogobius melanostomus*. W pokarmie dorsza w tym rejonie stwierdzono dwa nowe gatunki: babkę krągłą *N. melanostomus* i krewetkę atlantycką *P. elegans*. W pokarmie sandacza po raz pierwszy zanotowano obecność babki krągłej *N. melanostomus*. W pokarmie okonia nowością w Zatoce Pomorskiej były dwa gatunki – babka krągła *N. melanostomus* i krewetka atlantycka *P. elegans*, po raz pierwszy stwierdzona w pokarmie okonia w Bałtyku. W pokarmie babki krągłej zanotowano 11 taksonów; nowym taksonem był krabik amerykański *R. harrisii*, po raz pierwszy stwierdzony w pokarmie ryb w Morzu Bałtyckim. Ponadto, w żołądku nagłada *Scophthalmus rhombus*, który został złowiony jako przyłów czasie połowów badawczych, stwierdzono 2 osobniki babki krągłej *N. melanostomus*.

Słowa kluczowe: gatunki inwazyjne, gatunki obce, ryby drapieżne, Zatoka Pomorska

Alien and invasive animal species in the food of predatory fish from the Pomeranian Bay

Jarosław Dąbrowski¹, Beata Więcaszek¹, Klaudia Górecka¹

¹ Department of Hydrobiology, Ichthyology and Biotechnology of Breeding, Faculty of Food Sciences and Fisheries, West Pomeranian University of Technology in Szczecin, Kazimierza Królewicza 4 St., 71-550 Szczecin, Poland

beata.wiecaszek@zut.edu.pl

Within 2011-2015 the analysis of stomach contents of four predatory fish species from the Pomeranian Bay was performed – cod *Gadus morhua* (148 stomachs), pikeperch *Sander lucioperca* (143), perch *Perca fluviatilis* (319) and round goby *Neogobius melanostomus* (75). The stomach contents was identified with the use of stereoscopic microscope Nikon SMZ 1000 and Motic Series K. Within the discriminant analysis with the comparison of diet composition of each predator to the ideal predator, was performed. It was verified, if and in which degree the feeding niches are overlapped each other. In the food of fish studied, 21 taxa of invertebrates were found (Gastropoda, Bivalvia, Cirripedia, and Malacostraca) as well as 11 fish taxa (from the families: Clupeidae, Osmeridae, Gadidae, Percidae, Gobiidae, Zoarcidae, Ammodytidae, Pleuronectidae). Six alien and invasive species were recorded: *Amphibalanus improvisus*, *Chaetogammarus ischnus*, *Palaemon elegans*, *Rhithropanopeus harrisi*, *Mya arenaria* and round goby *N. melanostomus*. In cod stomachs in this area two new species were recorded: *N. melanostomus* and *P. elegans*, similarly in the diet of perch. *Palaemon elegans* was recorded for the first time in the Baltic Sea in the perch diet.. In the diet of pikeperch *N. melanostomus* was noted for the first time. In the diet of round goby in the Pomeranian Bay, 11 taxa were recorded. The new species was *R. harrisi*, noted for the first time in the round goby and, in general, in fish diet in the Baltic Sea. Additionally, in the stomach of brill *Scophthalmus rhombus*, caught as by-catch in the research surveys, two specimens of *N. melanostomus* were found.

Keywords: alien species, invasive species, Pomeranian Bay, predatory fish

Ponto-kaspijskie kielże - inwazja w polskich wodach słonawych: eksperyment w naturze i laboratorium

Aldona Dobrzycka-Krahel¹

¹ Zakład Ekologii Eksperymentalnej Organizmów Morskich, Instytut Oceanografii, Wydział Oceanografii i Geografii, Uniwersytet Gdański, al. Marszałka Piłsudskiego 46, 81-378 Gdynia, Polska

aldona.dobrzycka-krahel@ug.edu.pl

Kielże: *Pontogammarus robustoides* (G.O. Sars, 1894), *Obesogammarus crassus* (G.O. Sars, 1894), *Dikerogammarus haemobaphes* (Eichwald, 1841) i *D. villosus* (Sowinsky, 1894) należą do tzw. „kompleksu kaspijskiego”. Zamieszkują one Morze Kaspijskie, Czarne i Azowskie wraz z ich zlewniami. Migracja tych gatunków do wód Centralnej i Zachodniej Europy była możliwa dzięki wybudowaniu kanałów, które połączyły wcześniej odizolowane zlewnie mórz rejonu ponto-kaspijskiego ze zlewniami mórz europejskich i/lub celowym introdukcjom do wód europejskich. Rozpoczęła się w XX w., kiedy na skutek zanieczyszczeń przemysłowych odnotowywano wzrost zasolenia rzek. Proces migracji biologicznej był „eksperymentem w naturze”, testującym możliwość przejścia tych organizmów do nierodzimych wód słonawych. Celem pracy było określenie skali inwazji ponto-kaspijskich kielży w wodach słonawych i przystosowań, jakie pozwoliły im na rozprzestrzenienie się i osiągnięcie sukcesu inwazyjnego w wodach o różnym zasoleniu. Analizowano śmiertelność oraz wysiłek osmoregulacyjny, który determinuje możliwości funkcjonowania organizmów w różnych zasoleniach. Wyniki badań wykazują, że ponto-kaspijskie kielże przedostały się z rodzimych, słonawych wód do siedlisk słodkowodnych pokonując „barierę wód słodkich”, a następnie ze środowisk słodkowodnych do wód zasolonych - pokonując „barierę adaptacyjną wód słonawych”. Badania środowiskowe potwierdzają inwazję kielży: *P. robustoides*, *O. crassus*, *D. haemobaphes* i *D. villosus* w wodach słonawych Zalewu Wiślanego, Zatoki Gdańskiej i ujścia Wisły. Badania laboratoryjne wykazały najwyższą przeżywalność *D. haemobaphes* w zasoleniu 7,0 PSU, a najniższą w 0,1 PSU, co świadczy o tym, że antropogeniczne zanieczyszczenie rzek prowadzące do ich podwyższonego zasolenia, prawdopodobnie ułatwiło migrację ponto-kaspijskich kielży z rodzimego rejonu występowania. Plastyczność badanych kielży w stosunku do zasolenia środowiska: tolerancja zasoleniowa i zdolność do regulacji osmotycznej w zakresie od ok. 0 do ok. 20 PSU powoduje, że mogą one kolonizować ekologicznie różne środowiska i poszerzać zakres swojego występowania. Mogą funkcjonować zarówno w wodzie słodkiej bliskiej 0 PSU, jak i w wodzie o zasoleniu ok. 20 PSU. Możliwe jest dalsze rozprzestrzenianie ponto-kaspijskich kielży do wód o wyższym zasoleniu, gdyż nie utraciły one przystosowań do życia w wodzie słonawej.

Słowa kluczowe: *Dikerogammarus haemobaphes*, *Dikerogammarus villosus*, *Obesogammarus crassus*, *Pontogammarus robustoides*

Ponto–Caspian gammarids – invasion in Polish brackish waters: experiment in nature and a laboratory

Aldona Dobrzycka-Krahel¹

¹ Department of Experimental Ecology of Marine Organisms, Institute of Oceanography, Faculty of Oceanography and Geography, University of Gdansk, al. Marszałka Piłsudskiego 46, 81-378 Gdynia, Poland

aldona.dobrzycka-krahel@ug.edu.pl

The following gammarids: *Pontogammarus robustoides* (G.O. Sars, 1894), *Obesogammarus crassus* (G.O. Sars, 1894), *Dikerogammarus haemobaphes* (Eichwald, 1841) and *D. villosus* (Sowinsky, 1894) belong to the so called "Caspian complex", inhabiting the Caspian, Black and Azov Seas with their catchment areas. Their migration to Central and Western European waters was possible along water routes connecting the previously isolated regions of the Caspian Sea basin with other European seas' basins and / or by deliberate introductions to European waters. It has started when industrial pollutants caused increase in the salinity of rivers in the 20th century. The process of biological migration of these species was an "experiment in nature", which tested the possibility of crossing to non-native brackish waters. The aim of the study was to determine adaptations of gammarids facilitating their dispersal and invasive success in various salinity. The field studies determining the scale of invasion in brackish waters as well as laboratory studies determining whether salinity from about 0 to about 20 PSU give them abilities to survive were carried out. Mortality and osmoregulatory capacity were analyzed to determine the ability of organisms to function in various salinity. The studies show that the transition of Ponto-Caspian gammarids from the native brackish waters to the freshwater was the overcome of "freshwater barrier" and from the freshwater to brackish waters – the overcome of "adaptational barrier of brackish waters". The results of field studies confirmed the invasion of gammarids: *P. robustoides*, *O. crassus*, *D. haemobaphes* and *D. villosus* in brackish waters of the Vistula Lagoon, Gulf of Gdansk and the Vistula delta. The laboratory studies showed the highest survival of *D. haemobaphes* in 7 PSU and the lowest in 0.1 PSU, indicating that anthropogenic increase in the salinity of rivers probably facilitated the migration of Ponto-Caspian gammarids from the native region. The plasticity of the examined gammarids to the environmental salinity: tolerance and osmoregulatory ability in from about 0 to about 20 PSU give them possibility to colonize ecologically diverse environments and expand their ranges. They can function both in freshwater (~0 PSU) and in salinity of about 20 PSU. Further spread of Ponto-Caspian gammarids to higher salinity is possible due to preservation of their adaptations to live in brackish waters.

Key words: *Dikerogammarus haemobaphes*, *Dikerogammarus villosus*, *Obesogammarus crassus*, *Pontogammarus robustoides*

New records of invasive plant species from Montenegro

Sead Hadziablahovic¹

¹ Environmental Agency of Montenegro, 81000 Podgorica, Montenegro

Keywords: biological invasions, invasive species, Montenegro, plants

Expansion of *Harmonia axyridis* (Pallas, 1773) in Montenegro

Bogic Gligorovic¹

¹ Department of Biology, University of Montenegro, Cetinjski put b.b., 81000 Podgorica, Montenegro

Keywords: biological invasions, *Harmonia axyridis*, invasive species, Montenegro

Conservation genetics – a comprehensive tool for nature conservation in the Baltic Sea catchment area

Jakub Skorupski^{1, 2, 3, 4}

¹ Green Federation „GAJA”, 5 Lipca 45, 70-374 Szczecin, Poland

² Polish Society for Conservation Genetics LUTREOLA, Maciejkowa 21/10, 71-784 Szczecin, Poland

³ Department of Ecology and Environmental Protection, Institute for Research on Biodiversity, Faculty of Biology, University of Szczecin, Wąska 13, 71-415 Szczecin, Poland

⁴ Coalition Clean Baltic (CCB), Östra Ågatan 53, SE-753 22 Uppsala, Sweden

j.skorupski@lutreola.pl

Conservation genetics is a discipline dealing with the genetic factors that affect extinction risk and the methods one can employ to minimize these risks and science of gene pools protection, in order to maintain biodiversity and to ensure the continuity of natural evolutionary and ecological processes. It aims at preserving species as dynamic entities able to respond to environmental change and to use of genetics to aid the conservation of populations or species. Conservation genetics is as an applied and theoretical science, focusing on biodiversity, understood as a measure of the complexity of biological systems at all levels of organization of living matter, describing the number, variety and variability of living organisms in relation to: interspecies variability (species diversity), variability at an above-species level – at biocoenoses level (biocenotic diversity), ecosystems (ecosystem icdiversity), landscape (landscape diversity) and bioregions (biogeographical diversity), genetic diversity – the degree of genetic variation within a species, defined by intra- and interpopulation variability of genetic resources, which is the source of diversity at all other levels, phylogenetic diversity – resources of evolutionary history of a species or population. 11 major issues addressed by the conservation genetics were defined: inbreeding depression's (reduced biological fitness in the offspring of genetically very closely related individuals) (1), loss of genetic diversity (2), reduction in gene flow among populations (3), genetic drift (change in the frequency of a gene variant in a population due to random sampling of organisms) (4), accumulation and purging of deleterious mutations (5), genetic adaptation to captivity and its implications for reintroductions (6), resolving uncertainties of taxonomic identification (7), defining management units based on genetic exchange (8), forensics (species identification, tracking and detection) (9), determining biological processes relevant to species management (10), outbreeding depression (reduced biological fitness in the offspring of distantly related individuals) (11). The conservation genetics in the Baltic Sea region in applied for such issues as grey seal reintroduction in Poland, detection and tracking of migratory fish species with eDNA method, captive breeding of the harbour porpoise and resolving of taxonomic uncertainties of the Baltic sturgeon.

Keywords: Baltic Sea, biodiversity, conservation genetics, nature conservation



Konferencja organizowana w ramach projektu Nauka w służbie przyrody – ochrona puli genowych gatunków ssaków zagrożonych i bliskich zagrożeniu wymarcia poprzez transfer wiedzy i wymianę doświadczeń w zakresie najlepszych praktyk w genetyce konserwatorskiej teriofauny oraz Wymiana wiedzy, doświadczeń i najlepszych praktyk w badaniach i kontroli populacji obcych gatunków inwazyjnych w Polsce i na Islandii finansowanych ze środków:

Conference organized in the frames of the Science in the service of nature – gene pools conservation of endangered and threatened mammalian species by knowledge transfer and experience sharing on the best practices in conservation genetics of teriofauna and Exchange of knowledge, experiences and best practices in study and control of the invasive alien species populations in Iceland and Poland projects, financed by:

**Iceland
Liechtenstein
Norway grants**



Narodowy Fundusz
Ochrony Środowiska
i Gospodarki Wodnej

