

# Symulacja procesów powstawania gatunków w ekosystemie w efekcie występowania barier geograficznych

Izabela Bubula, Andrzej Kotulski

Listopad 2025

## 1 Wprowadzenie

Gatunki i ich różnorodność, którą można zaobserwować w odmiennych środowiskach, jest efektem procesów ewolucyjnych które zachodzą w długim czasie. Różnorodność ta spowodowana jest barierami przepływu genów między osobnikami. Jednym z bardziej znaczących mechanizmów powstawania nowych gatunków są bariery geograficzne, które poprzez podział populacji tworzą izolowane grupy. Bariery geograficzne można podzielić na 2 grupy:

- Fizyczne:
  - pasma górskie,
  - jeziora,
  - rzeki,
  - pustynie,
  - wyspy,
  - obszary o skrajnie odmiennych warunkach
- Środowiskowe:
  - strefy klimatyczne,
  - zróżnicowanie warunków życia

Powstawanie lub zanikanie tych barier jest ściśle związane z dynamiką klimatu oraz zmian terenowych związanych m.in. z użytkowaniem terenu. Dzięki rozwojowi modelowania komputerowego możemy coraz dokładniej śledzić sposób w jaki izolacja przestrzenna wpływa na zróżnicowanie genetyczne.

Cel tego projektu to zaprojektowanie i implementacja modelu symulacyjnego, który będzie odwzorowywał proces zmian i powstawania gatunków w ekosystemie, w którym występują bariery geograficzne. Dzięki zaprojektowanemu modelowi będziemy mogli analizować:

- wielkości i rozmieszczenie barier
- parametry demograficzne (np. liczebności, migracje)
- tempo i charakter środowiska oraz jego zmiany

oraz ich wpływ na izolacje genetyczne, różnice populacyjne oraz stabilność powstałych genów.

## 2 Przegląd aktualnego stanu badań

### 2.1 Rola barier geograficznych i klimatycznych w powstawaniu nowych gatunków

Powstawanie nowych gatunków bądź nasilanie różnic genetycznych może być wzmacnione poprzez przedstawienie barier geograficznych. Jest to jedno z klasycznych założeń powstawania nowych gatunków. W najnowszych pracach przeczytać można iż nie tylko fizyczne granice mogą być uważane za bariery geograficzne ale również bariery środowiskowe bądź klimatyczne spełniają podobne role.

W artykule *Konserwatyzm niszy ekologicznej stymuluje dywersyfikację w odpowiedzi na zmiany klimatyczne* (ang. Ecological niche conservatism spurs diversification in response to climate change)[5] można przeczytać, że mała zdolność gatunków do adaptacji w innych warunkach klimatycznych (konserwatyzm niszy klimatycznej) ma związek z tempem różnicowania linii ewolucyjnych. "Strefy nieodpowiednie" tworzone przez różnice klimatyczne, które izolują dawniej ciągle populacje, przerywają przepływ genów sprzyjając jednocześnie do powstawania gatunków żyjących w odrębnych miejscach. Jeżeli gatunki nie są w stanie przystosować się wystarczająco szybko do warunków pośrednich to bariery te mogą utrzymywać się przez długi czas.

Podobne wnioski można znaleźć w artykule *Schronienie klimatyczne i izolacja geograficzna przyczyniają się do specjacji i rozbieżności genetycznej u piwonii drzewiastych Himalajów i Hengduan* (ang. Climatic Refugia and Geographical Isolation Contribute to the Speciation and Genetic Divergence in Himalayan-Hengduan Tree Peonies (*Paeonia delavayi* and *Paeonia ludlowii*)). Badane tam były dwa blisko spokrewnione gatunki drzewiastych piwonii, które mają wspólny historyczny genotyp, ale zupełnie inne rozmieszczenie geograficzne, *P. delavayi* można znaleźć w wielu prowincjach zachodnio-północnych Chin, gdzie klimat jest łagodniejszy, a *P. ludlowii* występuje tylko w małym obszarze Tybetu ze znacznie chłodniejszym i suchszym klimatem. *P. ludlowii* wykazała się małą ilością haplotypów co świadczy o małej różnorodności wewnątrzgatunkowej jak i silnym dryfem genetycznym. W próbkach od *P. delavayi* różnorodność haplotypów była o wiele większa co pokazuje długotrwałą oddzielną ewolucję tego podgatunku.[6]

## 2.2 Modele symulacyjne specjacji w przestrzennie złożonych ekosystemach

Modele symulacyjne są ważną częścią badań, dzięki którym można zobaczyć efekty interakcji osobników, mutacji czy doboru naturalnego w znacznie szybszym czasie niż oczekiwanie na rezultaty badań fizycznych.

W pracy *Specjacja z przepływem genów w heterogenicznym wirtualnym świecie* (ang. *Speciation with gene flow in a heterogeneous virtual world*) autorzy badali czy drobne przeszkody fizyczne oraz niejednorodne środowisko przestrzenne będą mieć wpływ na proces powstawania nowych gatunków przy utrzymującym się przepływie genów. Z symulacji stwierdzono że obecność małych przeszkód fizycznych, nawet przy przepływie genów przyspiesza czas różnicowania się populacji i może prowadzić do powstawania wyraźnych grup genetycznych. Wnioski z tej symulacji są takie, że powstawanie nowych genów nie wymaga całkowitej izolacji genetycznej. Małe bariery oraz zmienność środowiska są wystarczającymi czynnikami. [3]

Wpływ zmian środowiskowych na grupy o ograniczonym przepływie genów zaprezentowali Osmar Freitas, Sabrina B.L. Araujo oraz Paulo R.A. Campos w swojej pracy *Specjacja w modelu metapopulacji po zmianach środowiskowych* (ang. *Speciation in a metapopulation model upon environmental changes*). Model badawczy składał się z podzielonego na wiele części siedliskowego ekosystemu. Grupy te połączone były ruchem osobników, który zmieniał się pod wpływem zmian klimatycznych. Zaobserwowano, że ruchy te zanikały i powstawały, co przekładało się na zmiany w strukturach gatunkowych. Wyniki pokazały że rozpad gatunków na linie o ograniczonym przepływie genów mogą być spowodowane zmniejszoną tendencją do przemieszczania się osobników, które zaadaptowały się do lokalnych warunków, przy wystarczająco zróżnicowanym środowisku. [2]

## 2.3 Genomowy krajobraz specjacji i identyfikacja barier przepływu genów

W badaniach nad specjacją coraz większą rolę odgrywa analiza genomu, która pozwala wykrywać fragmenty odpowiadające za ograniczony przepływ genów między populacjami. Jednak wzory zróżnicowania genomowego – tzw. „*wyspy różnicowania*” [6] – mogą wynikać nie tylko z barier przepływu genów, ale także z innych procesów, takich jak selekcja tła czy różnice w rekombinacji.

Dostępne narzędzia analityczne, m.in. metoda *gIMble* [4], umożliwiają lokalne oszacowanie natężenia przepływu genów i efektywnego rozmiaru populacji oraz identyfikację regionów genomu związanych z ograniczoną migracją.

Najnowsze przeglądy podkreślają, że *lokalna adaptacja* może inicjować specjację jeszcze zanim dojdzie do pełnej izolacji reprodukcyjnej [1].

W kontekście modelu symulacyjnego oznacza to konieczność monitorowania takich parametrów jak natężenie przepływu genów, siła selekcji lokalnej czy struktura bariery, aby móc porównywać otrzymane wyniki z danymi empirycznymi.

## 2.4 Zmiany klimatu i dynamiczne bariery w procesie specjacji

Zmiany klimatu mogą tworzyć „miękkie” bariery, takie jak niekorzystne strefy klimatyczne, które utrudniają kontakt między populacjami. Może to prowadzić do powstawania klimatycznych korytarzy i blokad, wpływających na rozmieszczenie gatunków i zwiększających izolację [5].

Badania nad refugialnymi populacjami roślin pokazują, że oddzielenie takich ostoj przez bariery klimatyczne lub terenowe sprzyja długotrwałemu zróżnicowaniu genetycznemu [6].

W modelach symulacyjnych warto więc uwzględnić zmienność barier w czasie – ich pojawianie się, zanikanie oraz zmiany kosztu migracji – aby realistycznie odzwierciedlić procesy specjacyjne zachodzące w środowisku zmieniającym się pod wpływem klimatu.

## 2.5 Wnioski dla projektowanego modelu

Przegląd badań wskazuje, że *struktura przestrzenna* ma kluczowe znaczenie dla procesu specjacji: zarówno fizyczne bariery, jak i nieciągłości klimatyczne wpływają na przepływ genów między populacjami [3].

Modele ekologiczne podkreślają rolę *lokalnej adaptacji* oraz heterogeniczności środowiska, dlatego warto uwzględnić zmienne środowiskowe przypisane do poszczególnych obszarów symulacji [1].

Symulacje metapopulacyjne pokazują, że zmiany środowiskowe, wielkość populacji i struktura migracji silnie wpływają na przebieg specjacji [2].

Z kolei modele oparte na indywidualnych osobnikach wskazują, że nawet niewielkie *bariery przestrzenne* mogą znacząco przyspieszać różnicowanie genetyczne [3].

Uwzględnienie dynamicznych barier, procesów lokalnej adaptacji oraz parametrów migracji pozwoli tworzyć realistyczne scenariusze prowadzące do powstawania gatunków.

## Bibliografia

- [1] R. K. Butlin, C. Bank, S. Yeaman i in. “Local adaptation and reproductive isolation: when does speciation start?” W: (2024). URL: <https://academic.oup.com/evolinnean/article/3/1/kzae003/7655502>.
- [2] Osmar Freitas, Sabrina B.L. Araujo i Paulo R.A. Campos. “Speciation in a metapopulation model upon environmental changes”. W: (2022). URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S030438002200076X>.
- [3] Abbas Golestani, Robin Gras i Melania Cristescu. “Speciation with gene flow in a heterogeneous virtual world: can physical obstacles accelerate speciation?” W: (2012). URL: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC3385488/>.

- [4] D. R. Laetsch i in. “Demographically explicit scans for barriers to gene flow using gIMble”. W: (2023). URL: <https://journals.plos.org/plosgenetics/article?id=10.1371/journal.pgen.1010999>.
- [5] Huijie Qiao i in. “Ecological niche conservatism spurs diversification in response to climate change”. W: (2024). URL: <https://www.nature.com/articles/s41559-024-02344-5>.
- [6] Yu-Juan Zhao i in. “Climatic Refugia and Geographical Isolation Contribute to the Speciation and Genetic Divergence in Himalayan-Hengduan Tree Peonies (*Paeonia delavayi* and *Paeonia ludlowii*)”. W: (2021). URL: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7874331/>.