

## **AUTOREFERAT**

**dr Lech Miłosz Karpiński**

Muzeum i Instytut Zoologii Polskiej Akademii Nauk

ul. Twarda 51/55, 00-818 Warszawa

Warszawa, 30 marca 2026

## 1. Imię i nazwisko

Lech Karpiński

## 2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe lub artystyczne – z podaniem podmiotu nadającego stopień, roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej

### Doktor nauk biologicznych w dyscyplinie biologia

2017 – Uniwersytet Śląski w Katowicach, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska

tytuł rozprawy doktorskiej: „*Porównanie zgrupowań kózkowatych (Coleoptera: Cerambycidae) wybranych rezerwatów przyrody i obszarów niechronionych województwa śląskiego*”

promotor: prof. dr hab. Piotr Węgierek

### Magister ochrony środowiska

2012 – Uniwersytet Śląski w Katowicach, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska

tytuł pracy magisterskiej: „*Kózkowate (Coleoptera: Cerambycidae) Załęczańskiego Parku Krajobrazowego*”

opiekun: prof. dr hab. Piotr Węgierek

### Licencjat ochrony środowiska

2010 – Uniwersytet Śląski w Katowicach, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska

tytuł pracy licencjackiej: „*Charakterystyka wybranych przedstawicieli kózkowatych (Coleoptera: Cerambycidae) polski z uwzględnieniem gatunków chronionych*”

opiekun: dr hab. Dominik Chłond

## 3. Informacja o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych lub artystycznych

01.2020–obecnie: Muzeum i Instytut Zoologii Polskiej Akademii Nauk, Warszawa – adiunkt;

08.2022–01.2023: Michigan State University, Department of Entomology, USA – adiunkt/post-doc;

03.2018–12.2019: Muzeum i Instytut Zoologii Polskiej Akademii Nauk, Warszawa – specjalista;

03–05.2017: Instytut Badawczy Leśnictwa, Sękocin Stary – pracownik terenowy.

**4. Omówienie osiągnięć, o których mowa w art. 219 ust. 1 pkt. 2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2021 r. poz. 478 z późn. zm.).**

a) *Tytuł osiągnięcia naukowego*

**Historia ewolucji i różnorodność mechanizmów specjacji chrząszczy fitofagicznych w strefie klimatu suchego Palearktycznej Azji, na przykładzie plemion Trachyderini oraz Callidiini (Coleoptera: Cerambycidae: Cerambycinae)**

b) *Wykaz publikacji stanowiących osiągnięcie naukowe (IF i liczba punktów MEiN wg stanu w roku opublikowania)*

1. **Karpiński L**, Szczepański WT, Kruszelnicki L. **2020**. Revision of the *Ropalopus ungaricus/insubricus* group (Coleoptera: Cerambycidae: Callidiini) from the western Palaearctic region. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 189 (4), 1176–1216. <https://doi.org/10.1093/zoolinlean/zlz154>

[IF<sub>2020</sub>=3,286; SJR<sub>2020</sub>=1,148; pkt. MEiN: 140; Q1; liczba cytowań w WoS = 7]

Mój udział polegał na opracowaniu koncepcji badań, zgromadzeniu większości materiału badawczego, przeprowadzeniu głównej części analiz morfologicznych, uzyskaniu obrazów SEM, stworzeniu kluczy diagnostycznych i opisu nowego taksonu, a także napisaniu większości tekstu pracy.

2. **Karpiński L**, Szczepański WT, Plewa R, Kruszelnicki L, Koszela K, Hilszczański J. **2021**. The first molecular insight into the genus *Turanium* Baeckmann, 1922 (Coleoptera: Cerambycidae: Callidiini) with a description of a new species from Middle Asia. *Arthropod Systematics & Phylogeny*, 79, 465–484. <https://doi.org/10.3897/asp.79.e65325>

[IF<sub>2021</sub>=2,800; SJR<sub>2021</sub>=1,034; pkt. MEiN: 100; Q1; liczba cytowań w WoS = 8]

Mój udział polegał na opracowaniu koncepcji badań, zebraniu części materiału badawczego w terenie, przeprowadzeniu głównej części analiz morfologicznych, uzyskaniu obrazów SEM, ekstrakcji DNA, opisu nowego taksonu, a także napisaniu większości tekstu pracy.

3. **Karpiński L**, Gorring P, Kruszelnicki L, Kasatkin DG, Szczepański WT. **2021**. A fine line between species and ecotype: a case study of *Anoplistes halodendri* and *A. kozlovi* (Coleoptera: Cerambycidae) occurring sympatrically in Mongolia. *Arthropod Systematics & Phylogeny*, 79, 1–23. <https://doi.org/10.3897/asp.79.e61499>

[IF<sub>2021</sub>=2,800; SJR<sub>2021</sub>=1,034; pkt. MEiN: 100; Q1; liczba cytowań w WoS = 15]

Mój udział polegał na opracowaniu koncepcji badań, zebraniu materiału badawczego w terenie, przeprowadzeniu części analiz morfologicznych, ekstrakcji DNA, uzyskaniu obrazów SEM, a także napisaniu większości tekstu pracy.

4. **Karpiński L**, Gorring P, Hilszczański J, Szczepański WT, Plewa R, Łoś K, Cognato AI. **2023**. Integrative taxonomy tests possible hybridisation between Central Asian cerambycids (Coleoptera). *Zoologica Scripta*, 52 (1), 70–85. <https://doi.org/10.1111/zsc.12570>

[IF<sub>2022</sub>=2,500; SJR<sub>2022</sub>=1,002; pkt. MEiN: 100; Q1; liczba cytowań w WoS = 8]

Mój udział polegał na opracowaniu koncepcji badań, zebraniu części materiału badawczego w terenie, przeprowadzeniu całości analiz morfologicznych, uzyskaniu obrazów SEM, ekstrakcji DNA, a także napisaniu większości tekstu pracy.

5. **Karpiński L**, Gorring P, Enkhnasan D, Cognato AI. **2025**. First support for phylogenetically segregated ecotypes and delineating thresholds for inter-and intraspecific ranks in phytophagous Central Asian beetles (Coleoptera). *Zoologica Scripta*, 54 (2), 144–162. <https://doi.org/10.1111/zsc.12702>

[IF<sub>2024</sub>=2,000; SJR<sub>2024</sub>=0,833; pkt. MEiN: 100; Q1; liczba cytowań w WoS = 2]

Mój udział polegał na opracowaniu koncepcji badań, zebraniu całości materiału badawczego w terenie, przeprowadzeniu całości analiz morfologicznych, ekstrakcji DNA, a także napisaniu całego tekstu pracy.

Sumaryczny Impact Factor osiągnięcia naukowego: **13,385**.

Sumaryczna wartość współczynnika SJR: **5,051**.

Sumaryczna liczba punktów MEiN osiągnięcia naukowego: **540**.

We wszystkich przedstawionych artykułach stanowiących osiągnięcie naukowe pełniłem funkcję autora korespondencyjnego. Oświadczenia współautorów publikacji potwierdzające wkład autora są zawarte w Załączniku 5. Wartość wskaźników IF, Q oraz liczba punktów MEiN zostały podane zgodnie z rokiem opublikowania pracy. W niniejszej rozprawie przyjęto zasadę precyzyjnej identyfikacji źródeł w tekście głównym. W przypadku cytowania publikacji wydanych w tym samym roku przez zespoły o różnym składzie autorskim, każdorazowo wymieniano nazwiska autorów aż do pierwszej różnicy w zapisie bibliograficznym (np. Karpiński, Gorring i Cognato 2023 oraz Karpiński, Gorring, Hilszczański i in. 2023). Zrezygnowano tym samym z metodologicznie niepoprawnego stosowania oznaczeń literowych (np. 2023a, 2023b), które zgodnie ze standardami edytorskimi rezerwuje się wyłącznie dla prac tych samych autorów wydanych w jednym roku.

*c) Omówienie celu naukowego osiągnięcia i uzyskanych wyników*

## **Wprowadzenie do problematyki badań**

Kład chrząszczy fitofagicznych (Coleoptera: Phytophaga), obejmujący blisko spokrewnione nadrodziny ryjkowców (Curculionoidea) i stonkowców (Chrysomeloidea), stanowi jedną z najliczniejszych (ok. 125 tysięcy opisanych gatunków) oraz najbardziej zróżnicowanych ekologicznie grup owadów lądowych, odgrywając niezwykle istotną rolę w strukturze i funkcjonowaniu ekosystemów lądowych poprzez oddziaływanie na dynamikę populacji roślin, udział w procesach dekompozycji oraz tworzenie złożonych powiązań troficznych (Farrell 1998, Jolivet i Verma 2002). Ich wyjątkowa różnorodność morfologiczna i ekologiczna odzwierciedla bogactwo adaptacji umożliwiających zasiedlanie różnorodnych środowisk oraz wykorzystywanie szerokiego spektrum roślin żywicielskich, co czyni je istotnym modelem w

badaniach nad mechanizmami ewolucji i specjacji opartej na interakcjach międzygatunkowych (Mitter i in. 1988).

Wśród chrząszczy fitofagicznych szczególnie miejsce zajmuje rodzina kózkowatych Cerambycidae Latreille, 1802 należąca do nadrodziny Chrysomeloidea, której przedstawiciele wykazują wysoki poziom specjalizacji troficznej oraz często ściśle powiązania z określonymi gatunkami roślin żywicielskich (Švácha i Lawrence 2014). Rodzina ta obejmuje ponad 35 tysięcy opisanych gatunków (Tavakilian i Chevillotte 2025) i charakteryzuje się szerokim rozmieszczeniem biogeograficznym oraz dużą różnorodnością adaptacji morfologicznych i behawioralnych wpływających zarówno na zdolności dyspersyjne, jak i stopień specjalizacji ekologicznej (Slipiński i Escalona 2013, Švácha i Lawrence 2014). Z kolei w obrębie Cerambycidae, Cerambycinae Latreille, 1802 to druga co do wielkości podrodzina w ujęciu światowym, obejmująca około 1700 rodzajów i 11 000 gatunków; jest także najliczniej reprezentowaną podrodziną w Australii oraz obu Amerykach (Forchhammer i Wang 1987, Švácha i Lawrence 2014). Podczas gdy larwy Cerambycinae są łatwo rozpoznawalne na podstawie obecności apomorficznych żuwaczek o zaokrąglonym kształcie oraz silnie zwężonego nadustka, imagines są niezwykle różnorodne morfologicznie, a ich klasyfikacja plemienna słabo rozpoznana (Švácha i Lawrence 2014), chociaż nowsze badania (Lee i Lee 2020) poprawiły obecny stan wiedzy w tym zakresie. Przedstawiciele Cerambycinae należą do najbardziej zróżnicowanych ewolucyjnie i wyspecjalizowanych ekologicznie grup kózkowatych, wyróżniając się bogactwem strategii życiowych (np. składania jaj) oraz interakcji z roślinami żywicielskimi (np. typ i stan zasiedlanego materiału) (Lee i Lee 2020). Według najnowszych danych molekularnych (Song i in. 2025) jest to jedna z najstarszych podrodzin Cerambycidae, w której radiację ewolucyjną szacuje się na ok 106 mln lat temu, tj. na schyłkową fazę wczesnej kredy.

Wewnątrz Cerambycinae plemiona Trachyderini Dupont, 1836 oraz Callidiini Kirby, 1837 stanowią dwa relatywnie blisko spokrewnione klady (Lee i Lee 2020), i chociaż to drugie okazało się taksonem polifiletycznym (Lee i Lee 2020, Karpiński, Szczepański i in. 2021) żadne decyzje taksonomiczne nie zostały jeszcze zaproponowane w tym względzie. Trachyderini skupia 153 rodzaje w obrębie dwóch podplemion, z czego w Palearktyce występuje jedynie 12, zaś do Callidiini należy 40 rodzajów, w tym 17 w Palearktyce (Danilevsky 2020, Tavakilian i Chevillotte 2025). Przedstawiciele tych plemion charakteryzują się dużym zróżnicowaniem ekologicznym, taksonomicznym oraz morfologicznym. Po pierwsze, w obu plemionach obserwuje się szeroki zakres specjalizacji pokarmowej w obrębie poszczególnych rodzajów (np. u *Turanium* Baeckmann, 1922), obejmujące zarówno gatunki monofagiczne, jak i

polifagiczne, co umożliwia porównania dotyczące wpływu zakresu specjalizacji na tempo i kierunek różnicowania populacji. Różnice te, połączone z nierzadko mozaikowym rozmieszczeniem populacji w środowiskach (m.in. wzdłuż gradientu wysokościowego, np. u *Ropalopus Mulsant*, 1839), sprzyjają powstawaniu izolacji ekologicznej i geograficznej – czynników kluczowych dla specjacji ekologicznej i parapatrycznej. Nierzadkie jest także występowanie w obrębie jednego rodzaju taksonów zarówno bardzo zmiennych jak i homogenicznych morfologicznie, a także linii reprezentujących różne etapy dywergencji ewolucyjnej (np. u *Anoplistes Audinet-Serville*, 1833), co czyni te grupy szczególnie użytecznym modelem do badań nad specjacją, umożliwiając jednoczesną analizę wczesnych i zaawansowanych etapów różnicowania.

Region Palearktycznej Azji obejmuje Azję Centralną (ang. *Central Asia*) w szerokim ujęciu według definicji UNESCO, Azję Południowo-Zachodnią, Syberię i Daleki Wschód, Półwysep Koreański oraz Japonię (Wallace 1876, Holt i in. 2013). Natomiast strefa klimatu suchego Palearktycznej Azji (ang. *Arid Zone* albo *Arid belt of Palaearctic Asia*) ma swoje centrum w tradycyjnie definiowanej Azji Środkowej (ang. *Middle Asia*), w której skład wchodzi: Uzbekistan, Kirgistan, Tadżykistan i Turkmenistan (pustynie Kara-kum oraz częściowo Kyzyl-kum). Strefa rozszerza się na północ, obejmując Kazachstan (stepy i pustynie Betpak-Dala, Kyzyl-kum), a także na wschód – na obszar północno-zachodnich Chin (Sinciang; głównie pustynia Takla Makan) aż po Mongolię Wewnętrzną, oraz Mongolię (pustynia Gobi wraz ze strefą półpustyń i stepów południowych). Z kolei rozszerzenie zachodnie obejmuje Iran (pustynie Daszt-e Kawir, Daszt-e Lut) oraz Bliski Wschód: Syrię, Irak oraz centralną i wschodnią Anatolię (Turcja) (Walter 1971). Region ten, przede wszystkim obszar Azji Centralnej, charakteryzuje się skrajnym kontynentalizmem, niskimi opadami, wysoką sezonowością temperatur oraz znaczną amplitudą mikroklimatów wynikającą z mozaikowatości rzeźby terenu (Schotterer i in. 1997, Gillespie i in. 2008).

Strefa klimatu suchego Palearktycznej Azji jest szczególnie interesująca z perspektywy badań ewolucyjnych, ponieważ łączy w sobie obecność rozległych, otwartych obszarów w dużej mierze pozbawionych wyraźnych barier geograficznych, z wyraźną heterogenicznością siedliskową, od izolowanych płatów roślinności drzewiastej i krzewiastej po mozaikę formacji stepowych i półpustynnych (Wesche i in. 2016). Ta specyficzna konfiguracja przestrzenna sprzyja równoczesnemu działaniu czynników promujących dyspersję na duże odległości oraz czynników ograniczających przepływ genów poprzez lokalne bariery ekologiczne, takie jak różnice w dostępności roślin żywicielskich, mikroklimaty czy zróżnicowana dynamika

sezonowa. Region ten odznacza się także szczególnie wysokim poziomem endemizmu w wielu grupach stawonogów, także w Cerambycidae (m.in. Karpiński, Szczepański, Plewa i in. 2018, Karpiński, Enkhnasan i in. 2021). Warunki klimatyczne oraz zróżnicowane typy biotopów (od pustyń po górskie zbiorowiska krzewiaste) sprzyjają powstawaniu populacji izolowanych, zróżnicowanych fenotypowo, ale często trudnych do rozróżnienia systematycznego. Taka kombinacja czynników sprawia, że strefa klimatu suchego Palearktycznej Azji jest obszarem szczególnie predysponowanym do badań nad ewolucją chrząszczy fitofagicznych, w tym omawianych plemion Cerambycidae, a w dalszej części autoreferatu stanowi kontekst interpretacyjny dla analizowanych modeli specjacji.

Procesy specjacji zachodzące bez pełnej izolacji geograficznej, obejmujące zarówno specjację sympatryczną, jak i parapatryczną, odgrywają istotną rolę w różnicowaniu organizmów zasiedlających środowiska o wysokiej heterogeniczności ekologicznej oraz dynamicznych gradientach warunków środowiskowych. W takich kontekstach przestrzennych populacje pozostają przynajmniej częściowo w kontakcie, a powstawanie barier reprodukcyjnych nie jest bezpośrednim następstwem rozdzielenia geograficznego, lecz wynika przede wszystkim z działania selekcji dywergentnej oraz ograniczonego przepływu genów (Dieckmann i Doebeli 1999, Bolnick i Fitzpatrick 2007). U organizmów fitofagicznych mechanizmy te mogą mieć szczególne znaczenie, ponieważ silne powiązanie z roślinami żywicielskimi sprzyja zjawisku *host-associated differentiation*, czyli różnicowaniu populacji w zależności od wykorzystywanego źródła pokarmu (substratu pokarmowego), jak i miejsca składania jaj oraz rozwoju larw (substratu rozrodczego) (Drès i Mallet 2002, Forbes i in. 2009).

Jednym z kluczowych mechanizmów ewolucyjnych prowadzących do powstawania barier reprodukcyjnych w takich warunkach jest specjacja ekologiczna, rozumiana jako proces różnicowania populacji w wyniku adaptacji do odmiennych warunków środowiskowych lub nisz ekologicznych, niezależnie od konkretnego trybu geograficznego, w jakim zachodzi (Schluter 2009, Nosil 2012). Proces ten może prowadzić do powstawania form ekologicznych, tzw. ekotypów, czyli populacji wyspecjalizowanych względem określonych warunków siedliskowych, różniących się cechami morfologicznymi, behawioralnymi lub fenologicznymi. Ekotypy mogą stanowić trwałe jednostki ekologiczne, ale mogą również odzwierciedlać wczesne etapy specjacji, w których różnice adaptacyjne zaczynają skutecznie ograniczać przepływ genów pomiędzy populacjami (Rundle i Nosil 2005). Procesy tego typu są szczególnie intensywne w środowiskach cechujących się ograniczonymi zasobami oraz wysoką zmiennością abiotyczną, gdzie dywergencja adaptacyjna może zachodzić nawet przy

zachowanym przepływie genów (Endler 1977, Rundle i Nosil 2005, Nosil 2012). Zmienność środowiskowa sprzyja tam powstawaniu izolowanych populacji oraz wyspecjalizowanych nisz ekologicznych (Hewitt 2004, Schluter 2009), umożliwiając analizę złożonych i wielowymiarowych wzorców różnicowania ewolucyjnego.

Obok specjacji ekologicznej, istotną rolę w różnicowaniu ewolucyjnym populacji pozostających w częściowym kontakcie przestrzennym może odgrywać również hybrydyzacja między blisko spokrewnionymi liniami. Proces ten, dawniej postrzegany głównie jako czynnik homogenizujący zmienność, coraz częściej uznawany jest za potencjalne źródło nowej zmienności adaptacyjnej, prowadzącej do powstawania linii hybrydowych o odmiennych kombinacjach cech ekologicznych i fenotypowych (Mallet 2007, Abbott i in. 2013). W warunkach środowisk charakteryzujących się mozaiką siedlisk oraz niepełnymi barierami reprodukcyjnymi, hybrydyzacja może sprzyjać zarówno introgresji adaptacyjnych alleli, jak i inicjacji dalszego różnicowania populacji, zwłaszcza gdy potomstwo hybrydowe wykazuje odmienne preferencje ekologiczne lub fenologię rozrodu. Zjawiska te mogą dodatkowo komplikować granice międzygatunkowe i maskować rzeczywisty przebieg procesów specjacyjnych, podkreślając potrzebę zastosowania podejść integratywnych w analizie takich taksonów.

Opisane procesy nabierają szczególnego znaczenia w kontekście strefy klimatu suchego Palearktycznej Azji, która — jak omówiono wcześniej — łączy dominację otwartych przestrzeni z bogatą mozaiką mikrośrodków oraz gradientów klimatycznych. Brak wyraźnych barier geograficznych nie wyklucza powstawania izolacji ekologicznej: zróżnicowanie lokalnych mikrosiedlisk, preferencji roślin żywicielskich, struktury roślinności, wilgotności oraz dynamiki sezonowej może tworzyć silne osie selekcji i prowadzić do dywergencji adaptacyjnej nawet w stosunkowo niewielkiej skali przestrzennej. Takie środowiska sprzyjają zarówno specjacji parapatrycznej, rozwijającej się wzdłuż ciągłych gradientów środowiskowych (zwłaszcza w warunkach rozległych, otwartych przestrzeni, tzw. *isolation by distance*), jak i specjacji ekologicznej wynikającej z adaptacji do kontrastowych mikrohabitatów.

W świetle nowoczesnych trendów w biologii systematycznej, opartych na podejściu integratywnym, konieczne staje się wykorzystanie wielu komplementarnych źródeł danych: od morfologii klasycznej wraz z analizą genitaliów, przez obrazowanie SEM, po filogenetykę molekularną, analizy sieci haplotypowych oraz metody delimitacji gatunków (*species delimitation methods*). Szczególne znaczenie w tym kontekście mają podejścia umożliwiające

wykrycie skrytej zmienności, identyfikację przypadków hybrydyzacji oraz introgresji, a także określenie progów odrębności gatunkowej. Pogłębione i oparte na podejściu integratywnym badania wydają się szczególnie istotne w Cerambycidae – grupie bardzo popularnej wśród amatorów i kolekcjonerów, jednak z relatywnie bardzo niewielką liczbą naukowców, w której wiele taksonów opisano bez należycie przeprowadzonych diagnoz oraz w której do niedawna nie prowadzono niemal żadnych badań molekularnych i filogenetycznych na niższych szczeblach taksonomicznych. Przedstawiciele plemion Callidiini i Trachyderini stanowią jedną z takich problematycznych grup, w której granice międzygatunkowe są słabo określone, a klasyfikacja systematyczna najczęściej opiera się wyłącznie na morfologii, niejednokrotnie na jej niedostatecznych podstawach. Jednocześnie zróżnicowanie nisz ekologicznych zajmowanych przez przedstawicieli tych plemion, w połączeniu z ich silnymi związkami z endemiczną roślinnością Palearktycznej Azji, w szczególności jej strefy klimatu suchego, czyni je wartościowym modelem badawczym w analizach specjacji nie-allopatrycznej.

## Cele projektu

Przedstawiony przeze mnie cykl pięciu publikacji przedstawia wyniki realizacji dwóch głównych celów: (I) zbadanie różnorodności mechanizmów specjacji u taksonów modelowych plemion Trachyderini i Callidiini w otwartym i nierozpoznanym pod tym kątem regionie Palearktycznej Azji, oraz (II) określenie progów genetycznych dla poszczególnych jednostek systematycznych w oparciu o zróżnicowane, wszechstronne dane. Badania obejmowały zarówno taksony wcześniej nieanalizowane pod względem molekularnym i filogenetycznym, ale i wymagające pogłębionych rewizji taksonomicznych. Ten stan rzeczy wynikał najprawdopodobniej z faktu, że rodzaje takie jak *Anoplistes*, *Ropalopus* czy *Turanium* należą do taksonomicznie szczególnie trudnych grup, charakteryzujących się znaczną zmiennością wewnątrzgatunkową często przy jednocześnie niewielkiej dywergencji morfologicznej między gatunkami. Dodatkowym problemem był bardzo ograniczony dostęp do materiału porównawczego, w tym całkowity brak świeżych próbek umożliwiających analizy molekularne. Wynikało to z występowania tych chrząszczy w trudno dostępnych i wciąż słabo zbadanych obszarach Azji Centralnej i Południowo-Zachodniej.

Cele szczegółowe obejmowały:

1) próbę rekonstrukcji historii ewolucji wybranych taksonów, ze szczególnym uwzględnieniem przypadków, w których można zakładać udział modeli nie-allopatrycznych (specjacji

parapatrycznej lub sympatrycznej) oraz innych mechanizmów specjacji, takich jak specjacja ekologiczna i hybrydyzacja;

2) ocenę granic międzygatunkowych w badanych grupach na podstawie zintegrowanych danych molekularnych, morfologicznych, bionomicznych i geograficznych;

3) rekonstrukcję relacji filogenetycznych i biogeograficznych w analizowanych grupach;

4) dostarczenie pierwszych w historii sekwencji genu COI (tzw. barcodów) dla środkowoazjatyckich Cerambycidae;

5) rewizję taksonomiczną poszczególnych rodzajów lub grup gatunkowych o niejasnym statusie systematycznym;

6) osadzenie uzyskanych wyników w szerszym kontekście biogeograficznym i ewolucyjnym.

## **Material i metody**

Materiał badawczy obejmował łącznie około 1200 okazów Cerambycidae należących do plemion Trachyderini i Callidiini. Kilkaset osobników zostało odłowionych osobiście podczas ekspedycji terenowych do Mongolii, Kazachstanu i Tadżykistanu w latach 2014–2024, dalsze kilkadziesiąt osobników zostało pozyskanych przez współpracowników z wypraw do krajów Azji Środkowej i Południowo-Zachodniej oraz Europy, zaś kilkaset okazów (w tym materiał typowy) pochodziło z kolekcji prywatnych oraz następujących kolekcji muzealnych (użyte akronimy instytucji muzealnych podano w porządku alfabetycznym oraz zgodnie z ich oficjalnym brzmieniem stosowanym w literaturze międzynarodowej):

**HNHM** – Hungarian Natural History Museum, Budapeszt, **Węgry**

**MAS** – Institute of Biology, Mongolian Academy of Sciences, Ułan Bator, **Mongolia**

**MIZ** – Muzeum i Instytut Zoologii PAN, Warszawa, **Polska**

**MNHN** – Muséum national d’Histoire naturelle, Paryż, **Francja**

**MZF** – Finnish Museum of Natural History, Helsinki, **Finlandia**

**MZNA** – Museo Zoologico di Napoli, Neapol, **Włochy**

**NHMUK** – Natural History Museum, Londyn, **Wielka Brytania**

**NHMW** – Naturhistorisches Museum Wien, Wiedeń, **Austria**

**NMP** – Národní muzeum, Praga, **Czechy**

**SDEI** – Senckenberg Deutsches Entomologisches Institut, Müncheberg, **Niemcy**

**USMB** – Muzeum Górnślaskie, Bytom, **Polska**

**ZIN** – Zoological Institute, Russian Academy of Sciences, Petersburg, **Rosja**

**ZMB** – Museum für Naturkunde – Leibniz-Institut für Evolutions- und Biodiversitätsforschung, Berlin, **Niemcy**

**ZMMU** – Zoological Museum, Lomonosov Moscow State University, Moskwa, **Rosja**

Do realizacji powyższych celów zastosowano podejście integratywne, łączące zróżnicowane metody używane w systematyce entomologicznej. W badaniach morfologicznych wykorzystano mikroskop stereoskopowy (Olympus SZH10), mikroskop skaningowy (Hitachi S-3400N SEM), oraz mikroskop cyfrowy (Keyence VHX-7000) i tradycyjną fotografię makro (Canon EOS 50D wyposażony w obiektyw makro Canon 100 mm f/2.8 USM oraz Canon MP-65 mm f/2.8) z techniką stacking (Helicon Focus oraz Zerene Stacker). W analizach molekularnych sekwencjonowano markery mitochondrialne (COI – ~658 pz, 16S rRNA – ~500 pz) oraz jądrowe (28S rRNA – ~900 pz, CAD – ~850 pz, arginina kinaza – ~550 pz), przy czym te drugie w niektórych przypadkach fazowano (SeqPHASE oraz PHASE). Sekwencje uzyskano przy użyciu standardowych protokołów PCR, a następnie edytowano w oprogramowaniu Sequencher i wyrównywano w narzędziu MAFFT. Dane molekularne procedowano w oprogramowaniu Mesquite, zaś dane morfologiczne integrowano w oprogramowaniu Nexus Data Editor. Analizy filogenetyczne dla macierzy danych wykonano metodami bayesowskimi (BI; MrBayes) i największej wiarygodności (ML; RAxML), z partycjonowaniem w Partitionfinder. Sieci haplotypów zrekonstruowano przy użyciu oprogramowania PopART. Drzewa filogenetyczne modyfikowano w oprogramowaniu FigTree.

## **Omówienie poszczególnych składowych osiągnięcia naukowego oraz szczegółowy opis uzyskanych wyników**

Poniżej przedstawiam szczegółowe omówienie wyników badań opublikowanych w pięciu artykułach naukowych, które łącznie stanowią spójne osiągnięcie naukowe z zakresu ewolucji i systematyki chrząszczy fitofagicznych z rodziny Cerambycidae. Publikacje te ukazują stopniowy rozwój i zastosowanie podejścia integratywnego w rozwiązywaniu problemów delimitacji taksonomicznej oraz zrozumieniu mechanizmów specjacji w zróżnicowanych środowiskach Palearktycznej Azji.

Najnowsze dane filogenetyczne sprzed rozpoczęcia niniejszego cyklu badań wskazywały jednoznacznie, że plemię Callidiini jest polifiletyczne (Lee i Lee 2020) i wymaga gruntownej rewizji, przy czym pozycja filogenetyczna jednego z nomenklatorycznie najstarszych i najliczniejszych gatunkowo palearktycznych rodzajów, *Ropalopus*, pozostawała nieustalona. Gatunki należące do tego rodzaju, zwłaszcza przedstawiciele grupy gatunkowej *R. ungaricus/insubricus*, rozsiadane pomiędzy północnym Iranem a Europą i zagrożone w całym areale w związku z zanikiem specyficznych siedlisk, od dawna nastroczały znaczących trudności taksonomicznych. Jednocześnie historia ewolucyjna tego rodzaju oraz jego pochodzenie pozostawały praktycznie nieznanne. W związku z tym celem pierwszej z przedstawionych prac (Karpiński i in. 2020) była kompleksowa rewizja tej wymagającej z taksonomicznego punktu widzenia grupy gatunków oraz próba rekonstrukcji mechanizmów specyjalnych i historii ewolucyjnej badanych taksonów w zachodniej części Palearktyki. Analizy oparto na materiale obejmującym 220 okazów z całego zasięgu występowania: z różnych regionów Europy, Kaukazu, Turcji oraz Iranu. Należy podkreślić, że są to gatunki rzadkie lub bardzo rzadkie w całym areale, co znacząco utrudniało zgromadzenie reprezentatywnego materiału badawczego. W pracy wykorzystano zatem przede wszystkim okazy z kolekcji prywatnych oraz materiał typowy zdeponowany w kolekcjach muzealnych.

Analizy filogenetyczne oparte na macierzy 34 cech morfologicznych obejmującej wszystkich 10 przedstawicieli grupy gatunkowej *R. ungaricus/insubricus* oraz analiza zasięgów wskazały najbardziej prawdopodobny scenariusz wyjaśniający rozmieszczenie badanych taksonów. Ostatni wspólny przodek tej grupy prawdopodobnie występował na terytorium Bliskiego Wschodu i Półwyspu Bałkańskiego. W tym regionie wyłoniły się cztery odrębne linie ewolucyjne, z których pochodzą obecne gatunki: *Ropalopus hanae* Sama & Rejzek, 2002, *R. lederi* Ganglbauer, 1882, *R. nataliyae* Danilevsky & Skrylnik, 2014 oraz *R. ungaricus* (Herbst, 1784). Przodek tego ostatniego gatunku najprawdopodobniej zasiedlał obszar Półwyspu Bałkańskiego, który stanowił centrum jego pierwotnego zasięgu, skąd nastąpiła dalsza ekspansja w kierunku pozostałych części Europy. Był to przypuszczalnie takson termofilny, który skolonizował region południowej Europy (Apeniny i Półwysep Bałkański). Następnie, podczas mesyńskiego kryzysu salinarnego (~5,96–5,33 mln lat temu), gdy poziom Morza Śródziemnego obniżył się nawet o 1500 m (Clauzon i in. 1996), a między Europą a Afryką Północną istniało połączenie lądowe, przodek *R. ungaricus* rozszerzył swój zasięg na obszar dzisiejszej Algierii, a następnie na górzyse tereny południowej Hiszpanii (dzisiejsza Andaluzja). Wraz z dalszą ekspansją na północ Europy zaczęła wyodrębniać się forma przystosowana do bardziej umiarkowanych warunków klimatycznych. Największych trudności

sprawiało badaczom grupy zrozumienie schematu rozmieszczenia oraz statusu taksonomicznego dwóch blisko spokrewnionych gatunków: *R. insubricus* (Germar, 1824) oraz *R. ungaricus*. Analiza danych lokalizacyjnych, w tym kluczowych danych wysokościowych z etykiet kilkudziesięciu okazów oraz ich nałożenie na mapie topograficznej wykazały, że oba taksony rozmieszczone są wzdłuż wyraźnego gradientu wysokościowego: ten pierwszy to element nizinno-wyżynny, występujący wyłącznie do wysokości około 600 m n.p.m., podczas gdy drugi zasiedla tereny górskie i podgórskie powyżej tej wysokości. Zatem najistotniejszym wynikiem pracy było ujawnienie jednego z pierwszych przypadków specjacji parapatrycznej u chrząszczy fitofagicznych, zachodzącej bez zmiany rośliny żywicielskiej. W wyniku przeprowadzonych badań zaproponowano nowy układ systematyczny w tej grupie, redukując wszystkie europejskie populacje do rangi podgatunków *R. ungaricus* oraz opisując nowy dla nauki podgatunek z Grecji, *R. ungaricus ossae* Karpiński, Szczepański & Kruszelnicki, 2020.

Badania te stanowiły wstępny etap wdrażania podejścia integratywnego, opierając się na analizie danych morfologicznych, geograficznych i bionomicznych. Ze względu na brak świeżych próbek umożliwiających badania molekularne, do analiz nie włączono tych danych. Na tym etapie precyzyjne wyznaczanie granic międzygatunkowych nie stanowiło jeszcze odrębnego celu badawczego; jednak analiza taksonu o szczególnie złożonej strukturze zmienności dostarczyła istotnych przesłanek interpretacyjnych przy rozróżnianiu rangi gatunku i podgatunku. Pod względem biogeograficznym praca obejmowała takson reprezentujący najbardziej zachodnią część Palearktycznej Azji (Turcja, Iran), częściowo wykraczając poza właściwy zasięg strefy klimatu suchego tego regionu. Tym samym publikacja ta — zarówno pod względem zastosowanej metodyki, jak i zakresu penetracji obszaru badań — stanowiła punkt wyjścia do kolejnych prac.

W drugiej z zaprezentowanych prac (Karpiński, Szczepański i in. 2021), biogeograficznie przeniosłem się w głąb omawianej strefy – do Azji Środkowej, aby kontynuować badania nad przedstawicielami plemienia Callidiini. Przedmiotem analiz był endemiczny dla regionu rodzaj *Turanium*, morfologicznie zbliżony do *Ropalopus*, którego przedstawiciele odznaczają się znaczną zmiennością wewnątrzgatunkową oraz szerokim zróżnicowaniem ekologicznym. Choć rodzaj ten był wcześniej rewidowany (Danilevsky 2001), opracowanie to opierało się wyłącznie na danych morfologicznych oraz nie dostarczało informacji o zależnościach filogenetycznych między gatunkami. Biorąc pod uwagę, że wcześniejsze badania filogenetyczne (Lee i Lee 2020) wykazały polifiletyzm plemienia Callidiini, przy całkowitym braku reprezentacji taksonów z Azji Środkowej, w tym rodzaju

*Turanium*, celem publikacji było (i) przetestowanie monofiletyzmu rodzaju; (ii) określenie pozycji filogenetycznej *Turanium* oraz środkowoazjatyckich gatunków *Ropalopus* w obrębie Callidiini; oraz (iii) weryfikacja hipotezy o polifiletyzmie plemienia. Analizy objęły ponad 80 okazów z Kirgistanu, Tadżykistanu, Kazachstanu i Uzbekistanu, w większości pozyskanych przez autora i współpracowników podczas wypraw terenowych krajów Azji Środkowej, co umożliwiło skuteczne sekwencjonowanie świeżego materiału metodą Sangera i uzyskanie wysokiej jakości sekwencji COI.

Analizy bayesowskie oraz metodą maksymalnego prawdopodobieństwa potwierdziły monofiletyzm rodzaju *Turanium* z silnym poparciem statystycznym. Dwa, po raz pierwszy zsekwencjonowane środkowoazjatyckie gatunki *Ropalopus*, utworzyły grupę siostrzaną względem *Turanium*, natomiast kolejne gatunki spoza regionu (sekwencje z GenBank) rozszerzyły ten kład. Mimo istotnych ograniczeń wynikających z zastosowania pojedynczego markera, przedstawiciele Callidiini zajęli cztery wyraźnie odrębne pozycje w obrębie Cerambicinae, co potwierdziło polifiletyczność plemienia. W związku z wyraźnym wyodrębnieniem kładu (*Turanium* + *Ropalopus*) od kładu *Callidium* Fabricius, 1775 (rodzaj typowy) oraz kładu *Phymatodes* Mulsant, 1839, zapoczątkowano dyskusję nad zasadnością wyodrębnienia nowego plemienia (Ropalopini), choć ze względu na ograniczony zakres danych nie zaproponowano formalnych zmian taksonomicznych. Rodzaje *Callidium* oraz *Phymatodes* tworzyły wyraźnie odrębne klady również we wcześniej cytowanej filogenezie (Lee i Lee 2020) opartej na sześciu markerach mitochondrialnych i jądrowych. Istotnym rezultatem pracy było również zidentyfikowanie — początkowo na podstawie rozbieżności sekwencji COI, a następnie potwierdzone morfologicznie — nowego gatunku dla nauki, *T. losi* Karpiński, Plewa & Hilszczański. Takson ten, mimo stosunkowo dużej liczebności oraz szerokiego zasięgu w Kirgistanie, pozostawał nierozpoznany z uwagi na duże podobieństwo morfologiczne do sympatrycznie występującego *T. pilosum* (Reitter, 1891). Podczas gdy *T. losi* oraz *T. pilosum* są szerokimi polifagami, pokrewny gatunek *T. rauschorum* Holzschuh, 1998 jest monofagiem, co ilustruje szerokie spektrum specjalizacji troficznej w obrębie rodzaju i wskazuje na potencjalną rolę izolacji ekologicznej w procesach różnicowania. Wykazano, że nawet blisko spokrewnione i prawdopodobnie młode ewolucyjnie gatunki różni dystans blisko 3% w sekwencji COI, natomiast bardziej odległe linie osiągają dywergencję rzędu 11–14%. Wyniki te dostarczyły pierwszych liczbowych przesłanek dotyczących progów genetycznych w obrębie środkowoazjatyckich Cerambycidae (jak i samych sekwencji) oraz potwierdziły użyteczność kodowania kreskowego DNA w wykrywaniu nowych taksonów.

Pod względem metodologicznym praca ta stanowiła pełne wdrożenie podejścia integratywnego, łącząc dane molekularne, morfologiczne, geograficzne i bionomiczne oraz wykorzystując metody delimitacji gatunków. Natomiast biogeograficznie objęła samo serce Azji Centralnej, czyli wybitnie górzysty i przestrzennie izolowany region Azji Środkowej, w którym mechanizmy specjacji allopatrycznej wydają się odgrywać kluczową rolę. Dyskutowana publikacja ujawniając pozycję filogenetyczną rodzajów *Turanium* oraz *Ropalopus* wyczerpała w pewien sposób materiał badawczy w przedmiotowym regionie i poprzez dostarczenie danych porównawczych o progach genetycznych COI umożliwiła naturalne przejście do analiz pokrewnego plemienia Trachyderini.

W trzeciej pracy cyklu (Karpiński, Gorring i in. 2021) podjąłem badania nad mongolskimi populacjami *Anoplistes halodendri* (Pallas, 1773), biogeograficznie przesuując się na krańce Azji Centralnej – do typowej strefy klimatu suchego Palearktycznej Azji. Podczas ekspedycji terenowej w 2019 roku na jednym ze stanowisk badawczych we wschodniej Mongolii zaobserwowałem nietypowy wzorzec rozmieszczenia dwóch taksonów z rodzaju *Anoplistes*: *A. halodendri* oraz *A. kozlovi* (Semenov & Znojko, 1934). Gatunki te wyraźnie różniły się fenotypowo (barwą i wzorem pokryw) oraz nie były powszechnie znane jako występujące sympatrycznie, mimo szerokiego zasięgu w Mongolii i regionach sąsiednich. Jednak w badanej lokalizacji, gdzie stykały się dwie wyraźne strefy: piaszczysto-żwirowe równiny i skaliste wzgórza, oba taksony wykazywały ścisłe przywiązanie do odmiennych siedlisk, tworząc wyraźną strukturę przestrzenną na styku habitatów. Ich rozmieszczenie nie wydawało się być zgodne z naturalnymi wzorcami, wielokrotnie obserwowanymi przeze mnie u innych sympatrycznych gatunków. Obserwacje te doprowadziły do sformułowania głównego celu pracy – testowania hipotezy, że *A. halodendri* i *A. kozlovi*, uznawane dotąd jako odrębne gatunki, reprezentują w istocie dwie formy ekologiczne (ekotypy) tego samego gatunku, które przystosowały się do funkcjonowania w tych kontrastowych środowiskach w strefie suchej Centralnej Azji. Założono również, że mimo ograniczonego przepływu genów w strefach kontaktu (odnotowano sporadyczne kopulacje par mieszanych), formy te pozostają rozdzielone ekologicznie, co może odpowiadać scenariuszowi specjacji parapatrycznej. Cele drugorzędne obejmowały: (i) dalsze testowanie progów międzygatunkowych w obrębie badanych plemion; (ii) rekonstrukcję relacji filogenetycznych pomiędzy *Anoplistes* a innymi centralnoazjatyckimi rodzajami Trachyderini (*Amarysius* Fairmaire, 1888 oraz *Purpuricenus* Dejean, 1821); (iii) weryfikację podważanego (Plavilstshikov 1940, Kostin 1974) statusu gatunkowego *A. jacobsoni* Baeckmann, 1904 i ustalenie pozycji filogenetycznej tego taksonu; oraz (iv)

doprecyzowanie praktycznych kryteriów rozróżniania ekotypu i podgatunku. W badaniu wykorzystano łącznie około 700 okazów *Anoplistes* z Mongolii i Kazachstanu oraz materiał porównawczy z pozostałych rodzajów, pochodzące zarówno z kolekcji muzealnych, jak i z własnych badań terenowych. Ponownie podejście to dostarczyło świeżych próbek i umożliwiło efektywne sekwencjonowanie metodą Sangera.

Dzięki zastosowaniu pełnego podejścia taksonomii integracyjnej otrzymano komplementarne wyniki pozwalające zrealizować wszystkie postawione cele badawcze. Analizy genów mitochondrialnych (COI) i jądrowych (ArgK i CAD) oraz rygorystyczne analizy morfologiczne, obejmujące badanie męskich narządów płciowych (w tym struktur endofallicznych), w połączeniu z danymi bionomicznymi osobników reprezentujących kilkadziesiąt populacji z terenu Mongolii jednoznacznie wykazały brak głębokiej dywergencji między *A. halodendri* i *A. kozlovi*. Wyniki te potwierdziły hipotezę, że oba taksony reprezentują ekologicznie zróżnicowane formy jednego gatunku, przystosowane do życia w tych szeroko rozpowszechnionych w regionie siedliskach. Ujawniono zatem jeden z pierwszych udokumentowanych przypadków współwystępowania dwóch ekotypów jednego gatunku w obrębie podrzędu Polyphaga, oraz drugi przypadek zmienności ekotypowej w rodzinie Cerambycidae. Uzyskane dane sugerują, że formy te mogły powstać w wyniku parapatrycznego różnicowania wzdłuż gradientu środowiskowego, prawdopodobnie w okresach intensyfikacji procesów pustynnienia obszaru Gobi. Jednocześnie niewielkie różnice w strukturach endofallicznych między gatunkami *Anoplistes* oraz częściowo w rodzaju *Amarysius* wskazują na relatywnie młody wiek ewolucyjny tych linii. Potwierdzono także odrębność gatunkową *A. jacobsoni*, dostarczając kolejnych danych liczbowych dotyczących progów delimitacji gatunkowej w kolejnym rodzaju. Analizy filogenetyczne wykazały monofiletyzm rodzaju *Anoplistes*, natomiast rodzaje *Amarysius* i *Purpuricenus* okazały się parafiletyczne, co jest zgodne z wcześniejszymi ustaleniami (Lee i Lee 2020). Artykuł wniósł też istotny wkład w dyskusję nad granicą między gatunkiem, podgatunkiem a ekotypem, stając się bazą do ustalenia minimalnych wartości różnic genetycznych i fenotypowych wymaganych do uznania odrębności taksonomicznej.

Zaprezentowana publikacja ponownie rozszerzyła podejście integratywne, dodając markery jądrowe, natomiast biogeograficznie eksplorowała krańce Azji Centralnej (wschodnia Mongolia), a więc otwarty region pozbawiony w dużej mierze znaczących barier geograficznych, w którym mechanizmy specjacji parapatrycznej i sympatrycznej mogą odgrywać istotniejszą rolę, a różnicowanie może zachodzić wzdłuż ciągłych gradientów środowiskowych. Rozpoczęcie w 2019 roku badań nad zmiennością najszerszej

rozprzestrzenionego gatunku, *A. halodendri*, zapoczątkowało proces dogłębnej analizy morfologicznej i filogenetycznej przedstawicieli *Anoplistes* (Karpiński 2020, Karpiński, Enkhnasan i in. 2021, Karpiński, Gorrington i in. 2021, Karpiński, Gorrington, Hilszczański i in. 2023, Karpiński i in. 2023, French i in. 2025, Karpiński, Gorrington, Enkhnasan i in. 2025, Karpiński 2026). Praca dostarczyła też empirycznego modelu specjacji ekologicznej w warunkach zachowanego kontaktu populacji, co z kolei zainicjowało proces rekonstrukcji historii ewolucji rodzaju, którego globalne rozszedlenie pokrywa się niemal całkowicie z granicami strefy klimatu suchego Palearktycznej Azji. Tym samym publikacja wpisuje się bezpośrednio w główny cel prezentowanego osiągnięcia naukowego, który zakłada identyfikację modeli nie-allopatrycznych oraz innych mechanizmów specjacji, jak specjacja ekologiczna czy hybrydyzacja.

W trakcie kontynuacji badań nad rodzajem *Anoplistes* zidentyfikowałem w materiale z Kazachstanu nietypowy okaz wykazujący cechy pośrednie między blisko spokrewnionymi gatunkami *A. forticornis* Reitter, 1901 oraz *A. galusoi* (Kostin, 1974). Pierwszy z nich posiada stosunkowo szeroki zasięg obejmujący także Uzbekistan i Kirgistan, natomiast drugi znany jest wyłącznie z niewielkiej enklawy w południowo-wschodnim Kazachstanie – dokładnie z obszaru, w którym odłowiono okaz o pośredniej morfologii. Choć w rodzinie Cerambycidae wielokrotnie sugerowano możliwość sporadycznej hybrydyzacji (np. Dascălu 2007, del Saz Fucho, 2009, Bernhauer i Peks 2016,) lub introgresji (np. Nakamine i Takeda 2008, Hardersen i in. 2017, Zamoroka i in. 2019), większość wcześniejszych doniesień nie była poparta analizami molekularnymi. Dopiero w ostatnich latach (Gorrington 2019, Torres-Vila i Bonal 2019, Dascălu i in. 2022) przedstawiono pierwsze dobrze udokumentowane przypadki genetycznego potwierdzenia tego zjawiska. W związku z tym głównym celem przedostatniej (czwartej) pracy cyklu (Karpiński, Gorrington, Hilszczański i in. 2023) było zweryfikowanie hipotezy o hybrydowym pochodzeniu badanego osobnika oraz rekonstrukcja historii ewolucyjnej obu gatunków, ze szczególnym uwzględnieniem przyczyn silnie ograniczonego zasięgu *A. galusoi*. Analizy objęły około 70 okazów z Kazachstanu, Kirgistanu i Uzbekistanu, w większości pochodzących z kolekcji muzealnych, jednak częściowo także niedawno pozyskanych przez współpracowników oraz autora podczas ekspedycji terenowych do krajów Azji Środkowej.

Analizy markerów mitochondrialnych (COI, 16S rRNA) oraz sfazowanych genów jądrowych (ArgK, CAD, 28S rRNA) potwierdziły zarówno wyraźną odrębność gatunkową *A. forticornis* i *A. galusoi*, jak i hybrydowe pochodzenie okazu o pośredniej morfologii. W mtDNA badany osobnik był bliżej spokrewniony z *A. forticornis*, co wskazuje, że to samica tego

gatunku krzyżowała się z samcem *A. galusoi*. Jednocześnie rekonstrukcja relacji filogenetycznych i analiza rozmieszczenia obu taksonów pozwoliły zinterpretować powstanie *A. galusoi* jako przykład specjacji perypatrycznej – szczególnego wariantu allopatrii, w którym niewielka populacja izoluje się na obrzeżach zasięgu gatunku macierzystego. Postawiona hipoteza filogenetyczna odnośnie dywergencji *A. galusoi* wspiera scenariusz, w którym populacje wspólnego przodka zostały rozdzielone w miocenie, prawdopodobnie najpierw przez pasma Dżungarskiego Ałtaju (ok. 11–10 mln lat temu), a następnie przez dolinę rzeki Ili. Obecny kontakt wtórny między gatunkami może mieć charakter relatywnie niedawny i potencjalnie być wzmacniany przez przekształcenia antropogeniczne krajobrazu na granicy enklawy *A. galusoi*. Praca ta stanowi jeden z pierwszych w Cerambycidae dobrze udokumentowanych przypadków sporadycznej hybrydyzacji międzygatunkowej potwierdzonej danymi molekularnymi. Uzyskano również kolejne wartości liczbowe dotyczące progów dywergencji genetycznej – podobnie jak w rodzaju *Turanium*, dystans COI między bardzo blisko spokrewnionymi gatunkami wynosił około 3%. Zastosowana metodyka, obejmująca analizę markerów mitochondrialnych i jądrowych wraz z fazowaniem alleli, może stanowić uniwersalne narzędzie do identyfikacji hybryd w obrębie chrząszczy. Wydaje się to tym bardziej istotne w kontekście podejrzenia, że niektóre opisane na podstawie pojedynczych osobników gatunki mogą być w rzeczywistości jedynie mieszańcami pierwszego pokolenia swoich gatunków rodzicielskich. Jest to szczególnie prawdopodobne w Cerambycidae, gdzie ze względu na atrakcyjność grupy opisywanych jest relatywnie wiele nowych taksonów (również w randze podgatunku), nierzadko bez odpowiedniej diagnozy oraz w oparciu o znikomy materiał.

Ta kolejna publikacja ponownie rozszerzyła podejście integratywne, tym razem o markery rybosomalne i narzędzia fazowania alleli, a pod względem biogeograficznym skoncentrowała się na słabo eksplorowanym we wcześniejszych pracach obszarze Kazachstanu. Dostarczyła też pierwszych dowodów na to, że hybrydyzacja może odgrywać pewną rolę w specjacji chrząszczy fitofagicznych w strefie klimatu suchego Palearktycznej Azji, ponownie wpisując się bezpośrednio w główny cel prezentowanego osiągnięcia naukowego, czyli identyfikację mechanizmów specjacji innych niż geograficzna. Niemniej jednak wyniki wskazują, że w badanej grupie mogą współistnieć dwa mechanizmy różnicowania: klasyczna specjacja geograficzna (perypatria) oraz wtórna hybrydyzacja w strefie kontaktu.

W ostatniej z prezentowanych prac (Karpiński, Gorrington, Enkhnasan i in. 2025) skoncentrowałem się na syntetycznym ujęciu problemu granicy między gatunkiem, podgatunkiem i ekotypem oraz na określeniu empirycznych progów dywergencji molekularnej dla tych jednostek w obrębie rodzaju *Anoplistes*. W literaturze entomologicznej wskazuje się na relatywnie duże rozbieżności w proponowanych progach dla markera COI: od 2% do 5% i więcej (np. Hebert i in. 2003, Liu i in. 2013, Lin i in. 2015), przy czym w niektórych grupach — z uwagi na specyficzne mechanizmy reprodukcyjne lub historię ewolucyjną — wartości te mogą być zupełnie odmienne lub trudne do jednoznacznego określenia. Publikacja ta powraca także do tematyki specjacji ekologicznej oraz badań zmienności ekotypowej w obrębie *A. halodendri*. Impulsem do podjęcia badań było dotarcie w 2022 roku do trudno dostępnego zachodniej Mongolii – regionu, z którego na podstawie historycznych materiałów znany był enigmatyczny, niemal całkowicie czarny takson *Anoplistes*, interpretowany dotąd jako potencjalny podgatunek *A. halodendri* ze względu na peryferyjne położenie w obrębie zasięgu w Mongolii. Tak ubarwione formy nie zostały zidentyfikowane w obszernym materiale przeanalizowanym w pierwszej publikacji o ekotypach *A. halodendri*, który reprezentował obszar większości kraju. Celem pracy było zatem (i) wyznaczenie operacyjnych progów delimitacyjnych w oparciu o szeroki materiał empiryczny i podejście integratywne oraz (ii) zweryfikowanie statusu zachodnio-mongolskiej formy oraz (iii) ponowne przeanalizowanie zmienności w obrębie najszerszego rozpowszechnionego gatunku *Anoplistes*, w tym wcześniej wyróżnionych ekotypów. Łącznie do analizy morfologicznej wykorzystano około 480 okazów *A. halodendri*, w tym 310 okazów reprezentujących ekotyp skalny, 160 okazów ekotypu piaskowego oraz 12 okazów formy czarnej. Wraz z okazami reprezentującymi pozostałe gatunki oraz podgatunki *Anoplistes* przebadano blisko 700 okazów z regionu Azji Centralnej. Materiał badawczy pochodził zarówno z kolekcji muzealnych, jak i własnych badań terenowych, co umożliwiło efektywne zsekwencjonowanie kolejnych taksonów oraz przeprowadzenie analiz sieci haplotypowych.

Analiza danych dystrybucyjnych i topograficznych potwierdziła obecność trzeciego, wysokogórskiego ekotypu, związanego z obszarami położonymi na wysokości około 1800 m n.p.m. i wyżej. Forma z zachodniej Mongolii stanowi kolejny przykład adaptacyjnego różnicowania w obrębie *A. halodendri*, bez przekroczenia progu gatunkowego. Przypadek ten można interpretować jako przejaw trwającej specjacji parapatrycznej, choć nie można całkowicie wykluczyć scenariusza wtórnego kontaktu. Ten ostatni wydaje się jednak mniej prawdopodobny, biorąc pod uwagę powtarzalne współwystępowanie różnych ekotypów w tych samych lub sąsiadujących lokalizacjach na rozległym obszarze Mongolii oraz szeroki zakres

zmienności wzoru pokryw obserwowany zarówno w strefach kontaktu, jak i w populacjach oddalonych, typowych dla danego siedliska. Analizy sieci haplotypowych sugerują, że to ekotyp piaskowy, czyli jedna z dwóch zdiagnozowanych w pierwszej pracy (Karpiński, Gorrington i in. 2021) form ekologicznych *A. halodendri*, stanowił formę ancestralną, z której wtórnie wyewoluowały pozostałe formy ekologiczne i podgatunki. W celu oszacowania poziomu zmienności morfologicznej i próby dokładniejszego ustalenia granic między taksonami przypisanymi do rangi gatunku, podgatunku i ekotypu, zbadano populacje *A. halodendri* z całego szerokiego zasięgu gatunku, obejmując wszystkie opisane podgatunki. Następnie przeanalizowano różnice na poziomie ekotypów, czyli pomiędzy populacjami podgatunku nominatywnego żyjącymi w kontrastujących środowiskach strefy suchej Azji Centralnej. W ostatnim kroku tej analizy porównano zarówno odległe morfologicznie, jak i blisko spokrewnione gatunki. Analiza najbardziej informatywnych cech w rodzaju (punktowanie przedplecza i pokryw oraz struktura wyrostka przedpiersia) wykazała wyraźne różnice między bardziej odległymi liniami, natomiast różnice te były znacznie mniej wyraźne w obrębie grupy bliżej spokrewnionych gatunków (*A. halodendri* i *A. jacobsoni*). Na poziomie podgatunkowym różne taksony *A. halodendri* wykazały niewielki, acz stały stopień zróżnicowania w badanych cechach. Natomiast na poziomie ekotypowym *A. h. halodendri*, omawiane cechy nie wykazały żadnych stałych różnic. Analizy molekularne potwierdziły, że minimalny dystans genetyczny w obrębie markera COI między blisko spokrewnionymi gatunkami siostrzanymi (*A. forticornis* i *A. galusoi*) wynosi około 3%. Wartości rzędu 4–5% odpowiadały natomiast przypadkom jednoznacznej odrębności morfologicznej. Interesujące jest jednak, że zakres dystansu genetycznego między wyraźnie odmiennymi morfologicznie gatunkami *A. forticornis* i *A. halodendri* (3,6–4,8%) był niższy niż między relatywnie bardziej podobnymi fenotypowo *A. halodendri* i *A. jacobsoni* (4,4–5,6%). Może to wskazywać, iż cecha łącząca te dwa gatunki, jaką jest obecność bardzo wydłużonych czułek, wyewoluowała niezależnie jako przystosowanie do funkcjonowania w przestrzeni otwartej, rozległych środowiskach, gdzie selekcja mogła faworyzować efektywniejsze wykrywanie partnerów na większych dystansach. Wynik ten podkreśla potencjalną rolę konwergencji adaptacyjnej oraz jednocześnie wskazuje na ograniczoną wiarygodność analiz taksonomicznych opartych wyłącznie na cechach morfologicznych. Dla rangi podgatunku adekwatny okazał się próg około 2% dywergencji COI, natomiast zmienność wewnątrzgatunkowa (w tym między ekotypami) mieściła się w przedziale 0–2%. Co istotne, praca ta stanowi pierwsze udokumentowane potwierdzenie u chrząszczy fitofagicznych, że ekotypy — nawet pochodzące z odległych lokalizacji lub występujące w bezpośrednim sąsiedztwie osobników odmiennego ekotypu — mogą tworzyć filogenetycznie

wyodrębnione klady, co stanowi silną przesłankę dla działania mechanizmów specjacji ekologicznej w warunkach utrzymującego się przepływu genów.

Praca ta stanowiła kulminację rozwijanego w cyklu podejścia integratywnego, wprowadzając do wcześniejszych narzędzi analizy sieci haplotypowych, i dostarczając tym samym danych porównawczych o najwyższym poziomie szczegółowości. Jednocześnie objęła najszerszy dotąd zakres biogeograficzny: obszar pomiędzy europejską częścią Rosji a Koreą Południową, a więc niemal całą Azję Centralną oraz znaczną część strefy suchej Palearktycznej Azji. Publikacja ta zamyka cykl, jako jego najbardziej dojrzałe metodologicznie i najszersze przestrzennie opracowanie, dostarczając operacyjnych narzędzi delimitacji taksonomicznej oraz empirycznie ugruntowanych progów dywergencji dla dalszych badań nad ewolucją kózkowatych regionu.

## **Podsumowanie**

Przedstawiony cykl pięciu publikacji, ukierunkowany na wyjaśnienie mechanizmów różnicowania oraz operacyjne wyznaczanie granic taksonomicznych w obrębie wybranych grup Cerambycinae strefy suchej Palearktycznej Azji, jest rezultatem wieloletnich, systematycznych badań nad taksonomią, filogenezą i bionomią Cerambycidae, w znacznym stopniu opartych na materiałach pozyskanych osobiście podczas wymagających wypraw terenowych do krajów Azji Centralnej. Zasadniczą osią cyklu jest stopniowe przechodzenie od analizy problemów szczegółowych do budowy porównawczego modelu specjacji i delimitacji, opartego na empirycznych danych morfologicznych, molekularnych i biogeograficznych.

W trakcie tworzenia kolejnych prac cyklu stopniowo rozwijałem swój warsztat badawczy. Punktem wyjścia była klasyczna analiza integrująca dane morfologiczne, lokalizacyjne oraz kontekst historyczno-biogeograficzny, bez komponentu molekularnego. W kolejnym etapie wdrożono sekwencjonowanie markera mitochondrialnego COI oraz metody delimitacji gatunkowej, co umożliwiło testowanie monofiletyzmu, rekonstrukcję relacji filogenetycznych i wykrywanie taksonów kryptycznych. Następnie podejście rozszerzono o markery jądrowe (ArgK, CAD, 28S rRNA), a w dalszej kolejności o fazowanie alleli oraz analizy sieci haplotypowych, co pozwoliło na bardziej precyzyjną interpretację procesów zachodzących na poziomie populacyjnym. Równolegle narastał komponent ilościowy dotyczący progów dywergencji molekularnej. W dwóch niezależnych liniach ewolucyjnych (Callidiini i Trachyderini) wykazano uderzająco zbieżne wartości minimalnej dywergencji COI (2,6–2,7%) między gatunkami siostrzanymi. Podobne zakresy dla morfologicznie bardzo

bliskich gatunków stwierdzono również w innych grupach kózkowatych, zarówno w należącym do analizowanej podrodziny Cerambycinae plemieniu Clytini Mulsant, 1839 (np. rodzaj *Plagionotus* Mulsant, 1842; Karpiński, Szczepański i in. 2021), jak i w podrodzinie Lamiinae (np. rodzaj *Saperda* Fabricius, 1775; Wallin i in. 2017). Może to wskazywać na względną powtarzalność — a w wielu przypadkach użyteczność — tych progów w obrębie rodziny Cerambycidae oraz innych chrząszczy fitofagicznych. Jednocześnie wyniki własne potwierdziły, że nie wszystkie grupy poddają się interpretacji w oparciu o standardowe progi. W badaniach nad nielotnymi przedstawicielami Lamiinae z rodzaju *Eodorcadion* Breuning, 1947 wartości międzygatunkowe między bliskimi liniami często wynosiły jedynie 1–2% (Karpiński, Gorrington i Cognato 2023, Karpiński, Gorrington i Cognato 2025). W tej grupie, podobnie jak w pokrewnym rodzaju *Dorcadion* Dalman, 1817, przypuszcza się, że częsta hybrydyzacja i introgresja mogły odegrać istotną rolę w powstaniu znacznej radiacji taksonomicznej (Dascălu i in. 2022, Caba i Dascălu 2024), co może prowadzić do obniżenia dystansów mitochondrialnych między odrębnymi liniami. Z kolei odnalezione wartości rzędu 4–6% (w rodzaju *Anoplistes*) do nawet 11–14% (w rodzaju *Turanium*) odpowiadały jednoznacznej odrębności morfologicznej dla bardziej odległych linii. Zaobserwowane różnice wskazują na relatywnie młody wiek ewolucyjny *Anoplistes*, co znalazło potwierdzenie w analizie struktur endofallicznych. Próg około 2% został natomiast uznany za adekwatny dla rangi podgatunku, zaś zmienność wewnątrzgatunkowa, włączając ekotypy, mieściła się w przedziale 0–2%.

Co bardzo istotne, cykl dokumentuje szerokie spektrum mechanizmów specjacji. W przypadku zasiedlającego regiony wysokogórskie *Turanium* wykazano klasyczną specjację allopatryczną w silnie izolowanych układach przestrzennych Azji Środkowej. Natomiast najbardziej interesującym było ujawnienie modelu specjacji parapatrycznej – zachodzącej wzdłuż gradientu wysokościowego (*Ropalopus*) lub środowiskowego (*Anoplistes*). Ten ostatni przypadek dostarczył także empirycznego modelu specjacji ekologicznej w warunkach utrzymującego się kontaktu populacji. Wreszcie, genetycznie udokumentowano sporadyczną hybrydyzację międzygatunkową w strefie wtórnego kontaktu, przy jednoczesnym zidentyfikowaniu modelu specjacji perypatrycznej, szczególnego wariantu allopatrii. Tym samym cykl obejmuje zarówno modele specjacji geograficznej (allopatria sensu stricto, perypatria, parapatria), jak i inne mechanizmy specjacji (specjacja ekologiczna, hybrydyzacja), tworząc spójny obraz procesów różnicowania w strefie suchej Palearktycznej Azji. Stopniowo rozszerzał się również zakres biogeograficzny badań — od zachodniej części Palearktyki, przez serce Azji Środkowej, po wschodnie krańce Azji Centralnej — aż do objęcia niemal całego

pasa badanej strefy. Umożliwiło to porównawcze spojrzenie na procesy zachodzące zarówno w regionach silnie izolowanych topograficznie, jak i w otwartych krajobrazach pozbawionych wyraźnych barier geograficznych.

W trakcie realizacji badań stopniowo rozwijałem także współpracę naukową. Badania rozpoczęły się w ramach stałego, najbliższego zespołu współautorów, następnie objęły współpracę z innymi ośrodkami krajowymi (Instytut Badawczy Leśnictwa), by w kolejnych etapach rozwinąć się w szeroką współpracę międzynarodową – zarówno z partnerami z krajów Azji Centralnej, gdzie prowadzono badania terenowe (Mongolian Academy of Sciences), jak i ze współpracownikami ze Stanów Zjednoczonych Ameryki (Harvard University, Michigan State University). Rozszerzeniu współpracy towarzyszyło zwiększenie skali materiału badawczego oraz dostęp do coraz bardziej zaawansowanych metod badawczych.

W rezultacie powstał empirycznie ugruntowany, bazujący na integracji morfologii, danych molekularnych i biogeografii, porównawczy model delimitacji taksonomicznej i interpretacji procesów specjacyjnych u chrząszczy fitofagicznych, oparty o takson modelowy – plemiona Trachyderini oraz Callidiini (Cerambycidae). Publikacje dostarczyły jednocześnie pierwszych sekwencji barcodingowych COI oraz pierwszych hipotez filogenetycznych dla środkowoazjatyckich przedstawicieli Cerambycidae, wypełniając istotną lukę biogeograficzną w badaniach tej fauny. Cykl ten nie tylko rozwiązuje konkretne problemy systematyczne i ewolucyjne w badanej grupie owadów, lecz także proponuje operacyjne narzędzia delimitacyjne oraz ramy interpretacyjne, które mogą znaleźć zastosowanie w analizach innych linii ewolucyjnych chrząszczy strefy suchej Palearktycznej Azji.

## Cytowana literatura

Abbott, R., Albach, D., Ansell, S., et al. (2013). Hybridization and speciation. *Journal of Evolutionary Biology*, 26, 229–246. <https://doi.org/10.1111/j.1420-9101.2012.02599.x>

Bernhauer, D., & Peks, H. (2016). Acht neue Arten der Gattung *Dorcadion* Dalman, 1817 aus der Osttürkei und eine Art aus der Südtürkei sowie die Abbildung von zwei Bastarden von *Dorcadion wagneri* Küster, 1846, vermutlich mit *Dorcadion dimidiatum* Motschulsky, 1838. *Entomologische Blätter und Coleoptera*, 112(2), 85–110.

Bolnick, D. I., & Fitzpatrick, B. M. (2007). Sympatric speciation: Models and empirical evidence. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 38, 459–487. <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.38.091206.095804>

- Caba, F. G., & Dascălu, M. M. (2024). Dissecting natural hybridisation in longhorned beetles through an integrative approach: Further proof of reticulate evolution in Dorcadionini (Cerambycidae, Lamiinae). *Zoologica Scripta*, 53(5), 665–687. <https://doi.org/10.1111/zsc.12664>
- Clauzon, G., Suc, J.-P., Gautier, F., Berger, A., & Loutre, M.-F. (1996). Alternate interpretation of the Messinian salinity crisis: Controversy resolved? *Geology*, 24, 363–366.
- Danilevsky, M. L. (2001). Review of genus *Turanium* Baeckmann, 1923 (Coleoptera, Cerambycidae). *Lambillionea*, 101(4), 579–588.
- Danilevsky, M. L. (2020). *Catalogue of Palaearctic Coleoptera. Vol. 6/1. Chrysomeloidea I (Vesperidae, Disteniidae, Cerambycidae)*. 2nd ed. Brill, Leiden–Boston, 712 pp. [https://doi.org/10.1163/97890004440333\\_002](https://doi.org/10.1163/97890004440333_002)
- Dascălu, M. M. (2007). An interspecific hybrid between *Dorcadion holosericeum* Krynicky, 1832 and *Dorcadion tauricum* Waltl, 1838 (Insecta, Coleoptera, Cerambycidae). *Biocosme Mésogéen*, 24(2), 65–72.
- Dascălu, M. M., Caba, F. G., & Fusu, L. (2022). DNA barcoding in Dorcadionini (Coleoptera, Cerambycidae) uncovers mitochondrial–morphological discordance and the hybridogenic origin of several subspecies. *Organisms Diversity & Evolution*, 22, 205–229. <https://doi.org/10.1007/s13127-021-00531-x>
- del Saz Fucho, A. (2009). Sobre los ejemplares glabros *Iberodorcadion* Breuning, 1943 con tomento elitral y estudio de la demo glabra de *Iberodorcadion (Hispanodorcadion) pseudo-molitor* (Escalera, 1902). *Boletín de la Sociedad Entomológica Aragonesa*, 45, 127–134.
- Dieckmann, U., & Doebeli, M. (1999). On the origin of species by sympatric speciation. *Nature*, 400, 354–357. <https://doi.org/10.1038/22521>
- Drès, M., & Mallet, J. (2002). Host races in plant-feeding insects and their importance in sympatric speciation. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 357, 471–492. <https://doi.org/10.1098/rstb.2002.1059>
- Endler, J. A. (1977). *Geographic Variation, Speciation, and Clines*. Princeton University Press.
- Farrell, B. D. (1998). “Inordinate fondness” explained: Why are there so many beetles? *Science*, 281, 555–559.
- Forbes, A. A., Powell, T. H. Q., Stelinski, L. L., Smith, J. J., & Feder, J. L. (2009). Sequential sympatric speciation across trophic levels. *Science*, 323, 776–779. <https://doi.org/10.1126/science.1166981>
- Forchhammer, P., & Wang, Q. (1987). An analysis of the subfamily distribution and composition of the longicorn beetles (Coleoptera: Cerambycidae) in the provinces of China. *Journal of Biogeography*, 14, 583–593.

- Gillespie, A. R., Burke, R. M., Komatsu, G., & Bayasgalan, A. (2008). Late Pleistocene glaciers in Darhad Basin, northern Mongolia. *Quaternary Research*, 69, 169–187. <https://doi.org/10.1016/j.yqres.2008.01.001>
- Gorring, P. S. (2019). *Gene to genus: Systematics and population dynamics in Lamiini beetles (Coleoptera: Cerambycidae) with focus on Monochamus Dejean*. Doctoral dissertation, Harvard University.
- Hardersen, S., Bardiani, M., Chiari, S., et al. (2017). Guidelines for the monitoring of *Morimus asper funereus* and *Morimus asper asper*. *Nature Conservation*, 20, 205–236.
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., & DeWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B*, 270, 313–321.
- Hewitt, G. M. (2004). Genetic consequences of climatic oscillations in the Quaternary. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 359, 183–195. <https://doi.org/10.1098/rstb.2003.1388>
- Holt, B. G., Lessard, J.-P., Borregaard, M. K., et al. (2013). An update of Wallace’s zoogeographic regions of the world. *Science*, 339, 74–78.
- Jolivet, P., & Verma, K. K. (2002). *Biology of Leaf Beetles*. Intercept Ltd, Andover, 350 pp.
- Karpiński, L. (2020). A new species of the genus *Anoplistes* Audinet-Serville, 1834 (Coleoptera, Cerambycidae, Cerambycinae, Trachyderini) from Mongolia. *Zootaxa*, 4816(2), 191–201. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.4816.2.3>
- Karpiński, L. (2026). Taxonomic turmoil around the genus *Anoplistes* Audinet-Serville, 1833 (Coleoptera: Cerambycidae) in the Uvs Nuur Basin: A new species, a new synonym, and a species reinstatement. *Zootaxa*, 5759(1), 64–74. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.5759.1.4>
- Karpiński, L., Enkhnasan, D., Boldgiv, B., Kruszelnicki, L., Iderzorig, B., Gantulga, T., Dorjsuren, A., & Szczepański, W. T. (2021). Longhorned beetles (Coleoptera: Cerambycidae) of southeastern Mongolia with particular emphasis on the genus *Anoplistes* Audinet-Serville, 1833 (Cerambycinae: Trachyderini). *Zootaxa*, 5081(4), 451–482. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.5081.4.1>
- Karpiński, L., Gorring, P., Cognato, A. I. (2023). DNA vs. morphology in delineating species boundaries of endemic Mongolian *Eodorcadion* taxa (Coleoptera: Cerambycidae). *Diversity*, 15(5), 662. <https://doi.org/10.3390/d15050662>
- Karpiński, L., Gorring, P., Cognato, A. I. (2025). Is Dorcadionini monophyletic? First phylogeny of the genus *Eodorcadion* reveals startling relationships in Central Asian flightless lamiines (Coleoptera: Cerambycidae). *Zoological Journal of the Linnean Society*, 205(1), 1–14. <https://doi.org/10.1093/zoolinnean/zlaf114>

- Karpiński, L., Gorryng, P., Enkhnasan, D., & Cognato, A. I. (2025). First support for phylogenetically segregated ecotypes and delineating thresholds for inter- and intraspecific ranks in phytophagous Central Asian beetles (Coleoptera). *Zoologica Scripta*, 54(2), 144–162. <https://doi.org/10.1111/zsc.12702>
- Karpiński, L., Gorryng, P., Hilszczański, J., Szczepański, W. T., Plewa, R., Łoś, K., & Cognato, A. I. (2023). Integrative taxonomy tests possible hybridisation between Central Asian cerambycids (Coleoptera). *Zoologica Scripta*, 52(1), 70–85. <https://doi.org/10.1111/zsc.12570>
- Karpiński, L., Gorryng, P., Kruszelnicki, L., Kasatkin, D. G., & Szczepański, W. T. (2021). A fine line between species and ecotype: A case study of *Anoplistes halodendri* and *A. kozlovi* (Coleoptera: Cerambycidae) occurring sympatrically in Mongolia. *Arthropod Systematics & Phylogeny*, 79, 1–23. <https://doi.org/10.3897/asp.79.e61499>
- Karpiński, L., Szczepański, W. T., Kruszelnicki, L. (2020). Revision of the *Ropalopus ungaricus/insubricus* group (Coleoptera: Cerambycidae: Callidiini) from the western Palaearctic region. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 189(4), 1176–1216. <https://doi.org/10.1093/zoolinnea/zlzl154>
- Karpiński, L., Szczepański, W. T., Plewa, R., Kruszelnicki, L., Koszela, K., & Hilszczański, J. (2021). The first molecular insight into the genus *Turanium* Baeckmann, 1922 (Coleoptera: Cerambycidae: Callidiini) with a description of a new species from Middle Asia. *Arthropod Systematics & Phylogeny*, 79, 465–484. <https://doi.org/10.3897/asp.79.e65325>
- Karpiński, L., Szczepański, W. T., Plewa, R., Walczak, M., Hilszczański, J., Kruszelnicki, L., Łoś, K., Jaworski, T., Bidas, M., & Tarwacki, G. (2018). New data on the distribution, biology and ecology of the longhorn beetles from the area of South and East Kazakhstan (Coleoptera, Cerambycidae). *ZooKeys*, 805, 59–126. <https://doi.org/10.3897/zookeys.805.29660>
- Kostin, I. A. (1974). Two new species of longicorn beetles (Coleoptera, Cerambycidae) from Kazakhstan. *Revue d'Entomologie de l'URSS*, 53(3), 647–650.
- Lee, S., & Lee, S. (2020). Multigene phylogeny uncovers oviposition-related evolutionary history of Cerambycinae (Coleoptera: Cerambycidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 145, 106707. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2019.106707>
- Lin, X., Stur, E., & Ekrem, T. (2015). Exploring genetic divergence in a species-rich insect genus using 2790 DNA barcodes. *PLoS ONE*, 10(9), e0138993. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0138993>
- Liu, Q. H., Jiang, L. Y., & Qiao, G. X. (2013). DNA barcoding of Greenideinae (Hemiptera: Aphididae) with resolving taxonomy problems. *Invertebrate Systematics*, 27, 428–438. <https://doi.org/10.1071/IS13014>
- Mallet, J. (2007). Hybrid speciation. *Nature*, 446, 279–283. <https://doi.org/10.1038/nature05706>

- Mitter, C., Farrell, B. D., & Wiegmann, B. (1988). The phylogenetic study of adaptive zones: Diversification of phytophagous insects. *The American Naturalist*, 132, 107–128.
- Nakamine, H., & Takeda, M. (2008). Molecular phylogenetic relationships of flightless beetles belonging to the genus *Mesechthistatus* Breuning (Coleoptera: Cerambycidae) inferred from mitochondrial COI gene sequences. *Journal of Insect Science*, 8, 70. <https://doi.org/10.1673/031.008.7001>
- Nosil, P. (2012). *Ecological Speciation*. Oxford University Press.
- Plavilstshikov, N. N. (1940). *Fauna of the USSR. Insecta. Coleoptera. Vol. 22, Family Cerambycidae, Part 2*. Academy of Sciences of the USSR, Moscow–Leningrad, 785 pp.
- Rundle, H. D., & Nosil, P. (2005). Ecological speciation. *Ecology Letters*, 8, 336–352.
- Schluter, D. (2009). Evidence for ecological speciation and its alternative. *Science*, 323, 737–741. <https://doi.org/10.1126/science.1160006>
- Schotterer, U., Fröhlich, K., Gäggeler, H., Sandjordj, S., & Stichler, W. (1997). Isotope records from Mongolian and Alpine ice cores as climate indicators. In: *Climatic Change at High Elevation Sites*. Springer, Berlin–Heidelberg, 287–298.
- Slipinski, A., & Escalona, H. (2013). *Australian Longhorn Beetles (Coleoptera: Cerambycidae). Vol. 1*. CSIRO Publishing, Canberra.
- Song, N., Wang, M., Zhai, Q., & Zhang, H. (2025). Insights into the phylogeny of longhorn beetles from phylogenomic data. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 203.
- Švácha, P., & Lawrence, J. F. (2014). Cerambycidae Latreille, 1802. In: Leschen, R. A. B., & Beutel, R. G. (eds), *Handbook of Zoology. Coleoptera, Beetles. Vol. 3*. Walter de Gruyter, Berlin–Boston, 77–177.
- Tavakilian, G., & Chevillotte, H. (2024). Titan database about longhorns or timber-beetles (Cerambycidae). <http://titan.gbif.fr>
- Torres-Vila, L. M., & Bonal, R. (2019). DNA barcoding of large oak-living cerambycids: Diagnostic tool, phylogenetic insights and natural hybridization between *Cerambyx cerdo* and *Cerambyx welensii* (Coleoptera: Cerambycidae). *Bulletin of Entomological Research*, 109(5), 583–594. <https://doi.org/10.1017/S0007485318000925>
- Wallace, A. R. (1876). *The Geographical Distribution of Animals*. Macmillan, London.
- Wallin, H., Kvamme, T., & Bergsten, J. (2017). To be or not to be a subspecies: Description of *Saperda populnea lapponica* ssp. n. (Coleoptera, Cerambycidae) developing in downy willow (*Salix lapponum* L.). *ZooKeys*, 691, 103–148. <https://doi.org/10.3897/zookeys.691.12880>
- Walter, H. (1971). *Ecology of Tropical and Subtropical Vegetation*. Oliver & Boyd, Edinburgh.

Wesche, K., Ambarlı, D., Kamp, J., Török, P., Treiber, J., & Dengler, J. (2016). The Palaearctic steppe biome: A new synthesis. *Biodiversity and Conservation*, 25, 2197–2231. <https://doi.org/10.1007/s10531-016-1214-7>

Zamoroka, A. M., Semaniuk, D. V., Shparyk, V. Y., Mykytyn, T. V., & Skrypnyk, S. V. (2019). Taxonomic position of *Anastrangalia reyi* and *A. sequensi* (Coleoptera, Cerambycidae) based on molecular and morphological data. *Vestnik Zoologii*, 53(3), 209–226. <https://doi.org/10.2478/vzoo-2019-0021>

## **5. Informacja o wykazywaniu się istotną aktywnością naukową realizowaną w więcej niż jednej uczelni lub instytucji naukowej, w szczególności zagranicznej**

Swoją działalność naukową realizuję we współpracy z licznymi ośrodkami badawczymi, przede wszystkim zagranicznymi, z krajów Ameryki Północnej oraz Azji Centralnej, jednak współpracuję także z naukowcami z Europy (Węgry) czy Australii. Kooperacja ta obejmuje zarówno afiliacje instytucjonalne, staże badawcze oraz długoterminowe porozumienia międzyinstytucjonalne, jak i wspólne projekty, ekspedycje terenowe i publikacje, a także wizyty w kolekcjach muzealnych. W związku ze złożonym charakterem aktywności naukowej jaką realizuję poza jednostką macierzystą, podzieliłem ją na kategorie według ich istotności i formy realizacji.

### *a) afiliacje instytucjonalne w opublikowanych pracach*

Studia doktoranckie ukończyłem w 2017 roku w Katedrze Zoologii Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach. Z afiliacją tej jednostki opublikowałem łącznie 28 prac, w tym 6 w czasopiśmie z listy Journal Citation Reports (JCR) (2 z nich ukazały się po doktoracie). Po uzyskaniu stopnia doktora, w 2018 roku zostałem zatrudniony w Muzeum i Instytucie Zoologii Polskiej Akademii Nauk, gdzie pracuję do chwili obecnej. Z afiliacją tej instytucji opublikowałem dotychczas 19 prac, w tym 17 w czasopiśmie z listy JCR. Ponadto w 2022 roku otrzymałem stypendium z Programu Fulbrighta, w ramach którego odbyłem sześciomiesięczny staż naukowy w Department of Entomology, Michigan State University (USA). Realizowany tam projekt badawczy zaowocował dwiema publikacjami w czasopiśmie z listy JCR, w których byłem afiliowany zarówno w MSU, jak i w MiIZ. Staż ten istotnie wzmocnił komponent molekularny prowadzonych przeze mnie badań oraz rozwinął współpracę z amerykańskimi naukowcami.

### *b) aktywność naukowa realizowana poza jednostkami zatrudnienia*

Istotną część mojej działalności stanowią badania terenowe i kwerendy muzealne prowadzone poza macierzystą jednostką. W celu pozyskania materiału badawczego brałem udział w ekspedycjach naukowych do krajów Azji Centralnej (omówionych szerzej w punkcie 7), realizowanych często w ramach przyznanych grantów (pkt 7) oraz we współpracy z lokalnymi instytucjami naukowymi, w których wykonywałem także pewne prace badawcze. Prowadziłem zatem aktywność naukową w następujących jednostkach (chronologicznie): Tajik National University (Tadżykistan), National University of Mongolia (NUM; Mongolia), Institute of Biology, Mongolian Academy of Sciences (IBMAS; Mongolia), Institute of Zoology CS MES (Kazachstan), Kyrgyz-Turkish Manas University (Kirgistan). Z dwiema ostatnimi z ww. jednostek oraz z NUM współpracuję w ramach wynegocjowanych przeze mnie pięcioletnich umów Memorandum of Understanding (MoU), w których pełnię funkcję głównego koordynatora (ang. *liaison officer*). Obecnie finalizuję podpisanie kolejnego MoU – z Kocaeli University (Turcja), pełniąc analogiczną rolę. Ponadto współpraca z IBMAS odbywa się w ramach oficjalnego porozumienia PAN–MAN; obecnie realizuję trzyletni (do 2027 roku) projekt „*Revealing molecular-level diversity of Mongolia's entomofauna in declining habitats*”, w którym jestem głównym wykonawcą po stronie polskiej. Współpraca z National University of Mongolia rozpoczęła się w 2015 roku, miesięcznym stażem badawczym pt. „*Insects of Mongolia: taxonomy, life cycles and host plants*”. Z kolei wspomniany wcześniej półroczny staż w USA wiązał się z implementacją projektu pt. „*Sunflower shell diversity: what drives Eodorcadion (Coleoptera: Cerambycidae) speciation in Mongolian plains*”.

W poszukiwaniu materiałów typowych oraz regularnych okazów rzadkich taksonów zrealizowałem również sześć krótkoterminowych (2–21 dni) wyjazdów do kolekcji muzealnych w Europie i Ameryce Północnej (chronologicznie): w 2019 do Canadian National Collection of Insects (Kanada), Hungarian Natural History Museum (Węgry) oraz Národní muzeum (Czechy); w 2021 do Muséum national d’Histoire naturelle (Francja); w 2022 do Institute of Biology, Mongolian Academy of Sciences (Mongolia); w 2025 do Národní muzeum (Czechy).

### *c) współpraca międzynarodowa w formie wspólnych projektów oraz publikacji*

Podczas badań nad centralnoazjatyckimi kózkowatymi nawiązałem współpracę z licznymi instytucjami naukowymi z kilku kontynentów. Do kluczowych partnerów naukowych, z którymi opublikowałem prace, należą m.in.: Anthony I. Cognato (Michigan State University,

USA), Patrick Goring (Harvard University i Michigan State University, USA), Rowan French (University of Toronto, Kanada), Bazartseren Boldgiv (National University of Mongolia, Mongolia), Davaadorj Enkhnasan (Mongolian Academy of Sciences, Mongolia), István Maák (University of Szeged, Węgry). W bieżących projektach współpracuję ponadto z naukowcami z m.in.: Australian National University (Australia), Kocaeli University (Turcja), Kyrgyz-Turkish Manas University (Kirgistan), Institute of Zoology CS MES (Kazachstan). Utrzymuję także współpracę z jednostkami na terenie Polski: Instytutem Badawczym Leśnictwa, Muzeum Górnośląskim w Bytomiu oraz Uniwersytetem Łódzkim (w ramach inicjatywy Polish Barcode of Life).

## **6. Informacja o osiągnięciach dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę**

### *a) aktywność dydaktyczna i popularyzująca naukę*

W trakcie realizacji studiów doktoranckich (*Advanced Methods in Biotechnology and Biodiversity*) w Katedrze Zoologii WBiOŚ UŚ, w ramach obowiązków dydaktycznych, prowadziłem w latach 2013–2016 zajęcia dla studentów kierunków Biologia oraz Ochrona Środowiska. Obejmowały one przedmioty Zoologia (kręgowce i bezkręgowce) oraz Ekologia siedlisk zdegradowanych. Dodatkowo sprawowałem opiekę nad studentką z Chin w zakresie jednego z prowadzonych kursów. W latach 2014–2015 prowadziłem wykłady oraz współorganizowałem projekt naukowy dla członków Akademii Młodych Biologów „Lykeion” (UŚ). W 2015 roku prowadziłem również zajęcia edukacyjne dla uczniów III Liceum Ogólnokształcącego im. Adama Mickiewicza w Katowicach. Z kolei w latach 2015–2016 współorganizowałem regionalne eliminacje Olimpiady Biologicznej (UŚ). W latach 2014 i 2016 (UŚ) oraz 2019 i 2020 (MiIZ) brałem udział w organizacji ogólnopolskiej inicjatywy „Noc Biologów”.

W maju 2022 roku uczestniczyłem w działaniach edukacyjnych w ramach projektu Caucasus Barcode of Life (CaBOL), finansowanego przez Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF). W trakcie dwutygodniowego wydarzenia BioBlitz, realizowanego w Armenii (Yerevan State University) oraz Gruzji (Ilia State University), współprowadziłem zajęcia terenowe prezentujące metody zbierania owadów dla studentów i lokalnej społeczności. Następnie w lipcu 2022 roku, w Ekwadorze prowadziłem podobne zajęcia terenowe dla studentów IKIAM Amazon Regional University. W kwietniu 2023 roku, we współpracy z

Muzeum Ziemi PAN w Warszawie, prowadziłem warsztaty edukacyjne w ramach XVI edycji Dnia Ziemi. Od 2024 roku w ramach realizowanego grantu z Narodowego Centrum Nauki (nr 2022/47/D/NZ8/01956) pełnię funkcję promotora pomocniczego doktorantki. Od 2024 roku jestem członkiem zespołu organizującego comiesięczne seminaria naukowe w MiIZ. W listopadzie 2025 roku zorganizowałem w MiIZ trzytygodniowe warsztaty z zakresu metod molekularnych, bioinformatycznych oraz mikroskopowych stosowanych w systematyce entomologicznej dla wizytujących partnerów z Mongolskiej Akademii Nauk. Ponadto w latach 2019–2025 wygłosiłem szereg wykładów zaproszonych w zagranicznych i krajowych instytucjach naukowych, m.in. w Canadian National Collection of Insects (Ottawa, 2019), Hungarian Natural History Museum (Budapeszt, 2019), Michigan State University (East Lansing, 2022), Muséum national d’Histoire naturelle (Paryż, 2022) oraz na Uniwersytecie Łódzkim (Łódź, 2025).

#### *b) działalność organizacyjna*

Moja działalność naukowo-organizacyjna obejmuje udział w pracach redakcyjnych czasopism naukowych oraz aktywność recenzencką. Od 2024 r. jestem członkiem rady redakcyjnej czasopisma *Fragmenta Faunistica* (MiIZ PAN). Od 2021 r. pełnię również funkcję Subject Editor w czasopismach *ZooKeys* oraz *Biodiversity Data Journal*, gdzie odpowiadam za obsługę manuskryptów dotyczących chrząszczy z rodziny Cerambycidae. Dotychczas prowadziłem proces redakcyjny 12 opublikowanych artykułów (po 6 w każdym z czasopism) oraz podobnej liczby manuskryptów odrzuconych na różnych etapach procedury recenzyjnej (potwierdzenie na platformie Web of Science – ResearcherID: AAR-2352-2020). Obecnie pełnię także funkcję Guest Editor w czasopiśmie *Frontiers in Ecology and Evolution* dla tematu badawczego poświęconego hybrydyzacji oraz szerzej – zagadnieniom ewolucji retikularnej (sieciowej) w obrębie rzędu chrząszczy.

Prowadzę również aktywną działalność recenzencką. Dotychczas zrecenzowałem 25 artykułów naukowych dla 21 różnych czasopism, w tym dla 16 z listy JCR (z czego 8 w kwartyli Q1; potwierdzenie w Web of Science – ResearcherID: AAR-2352-2020). Do najbardziej prestiżowych z nich należą: *Molecular Phylogenetics and Evolution*, *Zoological Journal of the Linnean Society*, *Zoologica Scripta*, *Arthropod Systematics and Phylogeny* oraz *Journal of Economic Entomology*.

**7. Oprócz kwestii wymienionych w pkt. 1–6, wnioskodawca może podać inne informacje, ważne z jego punktu widzenia, dotyczące jego kariery zawodowej.**

Oprócz powyżej opisanych aktywności dydaktycznych, organizacyjnych oraz krótkich wyjazdów zagranicznych i współprac naukowych, pozostałe elementy mojego dorobku naukowego można podzielić na następujące kategorie: (I) aktywność publikacyjna poza omówionym cyklem prac składających się na osiągnięcie naukowe; (II) aktywność konferencyjna w kraju i za granicą; (III) otrzymane granty i nagrody badawcze; (IV) organizacja terenowych ekspedycji entomologicznych do krajów Azji Centralnej; (V) członkostwo w towarzystwach naukowych; (VI) poboczna tematyka badań.

**I. Aktywność publikacyjna**

Łącznie jestem autorem lub współautorem 50 publikacji naukowych, z czego 22 ukazały się po uzyskaniu stopnia doktora. W czasopiśmie z listy JCR opublikowałem 25 prac, w tym 19 po doktoracie. Według bazy Web of Science Core Collection moje publikacje były cytowane 121 razy (64 bez autocytacji), według Scopus – 139 razy (89 bez autocytacji), natomiast według ResearchGate – 267 razy, a według Google Scholar – 356 razy (stan na 15 marca 2026 r.). Mój indeks Hirscha wynosi 8 według baz WoS CC i Scopus, 9 według ResearchGate oraz 11 według Google Scholar. Łączny Impact Factor czasopism, w których opublikowałem swoje artykuły, wynosi 37,0 (według roku publikacji). Wartość ta obejmuje 13,385 dla cyklu publikacji stanowiącego osiągnięcie habilitacyjne oraz 3,825 dla prac opublikowanych przed uzyskaniem stopnia doktora. Sumaryczna liczba punktów MNiSW/MEiN dla całego dorobku nie została wyliczona ze względu na znaczące zmiany w systemie punktacji czasopism w analizowanym okresie. Obliczenie takiej wartości nie byłoby w pełni porównywalne. Natomiast sam cykl publikacji stanowiący osiągnięcie habilitacyjne uzyskał 540 punktów według obowiązującego wykazu czasopism.

Relatywnie umiarkowana liczba cytowań w bazach WoS CC oraz Scopus jest związana głównie z dwoma aspektami prowadzonych przeze mnie badań. Po pierwsze, od początku swojej kariery zawodowej pracowałem w dużej mierze jako niezależny naukowiec, stopniowo rozwijając zarówno warsztat badawczy, jak i sieć współpracy naukowej. Tematyka mojej rozprawy doktorskiej została opracowana przeze mnie samodzielnie, a praca była realizowana w trybie indywidualnym, bez formalnego włączenia w duży projekt badawczy lub zespół finansowany z grantów krajowych czy międzynarodowych. Taki model pracy wiązał się z

koniecznością stopniowego budowania zaplecza badawczego oraz rozwijania własnych kontaktów naukowych, co w początkowym okresie kariery jest procesem czasochłonnym. Umożliwiło mi to jednak wypracowanie dużej niezależności badawczej oraz pozwoliło kontynuować badania nad pasjonującymi mnie chrząszczami z rodziny Cerambycidae. Drugą kwestią jest specyfika tej grupy owadów. Liczba zawodowych badaczy zajmujących się systematyką Cerambycidae jest stosunkowo niewielka, a znaczna część prac — szczególnie dotyczących taksonów z regionu Azji Centralnej — realizowana jest przez naukowców z krajów w których publikowanie w czasopiśmie z bazy Journal Citation Reports nie stanowi głównego priorytetu. W związku z tym wiele z moich wcześniejszych prac, o charakterze faunistycznym lub taksonomicznym, nie uzyskało dużej liczby cytowań w najbardziej selektywnych międzynarodowych bazach bibliograficznych. Dopiero od około 2021 roku w moich badaniach zacząłem wykorzystywać dane molekularne. Było to możliwe głównie dzięki uzyskaniu pewnej rozpoznawalności międzynarodowej oraz pozyskaniu unikalnych materiałów – endemicznych dla regionu taksonów oraz pierwszych próbek z tej części świata o jakości umożliwiającej analizy molekularne. Pozwoliło mi to rozpocząć współpracę z naukowcami ze Stanów Zjednoczonych, finansującymi pierwsze wspólne analizy molekularne. To właśnie publikacje oparte na danych molekularnych oraz praca bazująca na wynikach mojej rozprawy doktorskiej (Cerambycidae jako wskaźniki ekologiczne) dostarczyły największej liczby cytowań w bazach Web of Science oraz Scopus.

Potwierdzeniem powyższych stwierdzeń może być fakt, że według danych z bazy Web of Science w 73% publikacji jestem pierwszym autorem, a w 23% ostatnim autorem, co łącznie stanowi 96% prac. Ponadto w 77% publikacji pełniłem funkcję autora korespondencyjnego, co wskazuje na znaczący udział w inicjowaniu i koordynowaniu prowadzonych badań. Jednocześnie, istnieje wyraźna różnica między liczbą cytacji w bazach Web of Science/Scopus a wartościami notowanymi w ResearchGate oraz Google Scholar, która odzwierciedla powyżej opisany problem cytowania wielu moich prac (nawet części tych opublikowanych w czasopiśmie z bazy JCR) w czasopiśmie regionalnych, które nie są indeksowane w bardziej selektywnych bazach bibliograficznych.

## II. Aktywność konferencyjna w kraju i za granicą

W dotychczasowej karierze naukowej uczestniczyłem w 19 konferencjach i sympozjach naukowych, w tym 12 organizowanych w Polsce (z czego 4 miały charakter międzynarodowy) oraz 7 odbywających się za granicą. Podczas tych wydarzeń byłem autorem lub współautorem

22 wystąpień konferencyjnych, w tym 11 referatów ustnych oraz 11 prezentacji posterowych. Sześć konferencji miało miejsce po uzyskaniu stopnia doktora.

### III. Otrzymane granty i nagrody badawcze

Jestem beneficjentem dziesięciu programów finansowania badań, zarówno ze źródeł krajowych, jak i zagranicznych. Do najbardziej prestiżowych należą dwa krajowe granty Narodowego Centrum Nauki – SONATA 18 [2022/47/D/NZ8/01956] oraz MINIATURA 2 [2018/02/X/NZ8/00235], w których pełniłem lub pełnię funkcję kierownika projektu (Principal Investigator). Wśród źródeł zagranicznych należy wymienić staż badawczy w Stanach Zjednoczonych zrealizowany w ramach Fulbright Senior Award 2022–2023 (Fulbright Program), grant wyjazdowy Ernst Mayr Travel Grant przyznany przez Museum of Comparative Zoology, Harvard University, a także dwie wizyty badawcze w kolekcjach muzealnych w Budapeszcie i Paryżu, sfinansowane w ramach programu SYNTHESYS+ (European Commission). Wszystkie wymienione granty i nagrody otrzymałem po uzyskaniu stopnia doktora.

### IV. Organizacja ekspedycji entomologicznych do Azji Centralnej

Istotnym elementem mojej kariery naukowej jest organizacja entomologicznych ekspedycji badawczych do krajów Azji Centralnej, które realizuję od 2014 roku. Łącznie zorganizowałem dotychczas 10, blisko miesięcznych wypraw naukowych: do Tadżykistanu (2014), Mongolii (2015, 2019, 2022, 2023, 2024, 2025), Kazachstanu (2017, 2024), oraz Kirgistanu (2025). W bieżącym roku planowana jest kolejna wyprawa do Mongolii obejmująca dotychczas nieeksplorowane tereny wschodniej części kraju. Ekspedycje te były finansowane z różnych źródeł: trzy z nich zostały zrealizowane wyłącznie ze środków prywatnych, trzy przy wykorzystaniu połączonych środków prywatnych i grantowych, natomiast cztery wyłącznie ze środków grantowych. W trakcie tych badań terenowych zgromadziłem pierwsze dla nauki molekularne próbki środkowoazjatyckich Cerambycidae, a także materiał obejmujący taksony odłowione ponownie po blisko 60 latach oraz nowe dla nauki. Zebrane materiały stanowią obecnie podstawę prowadzonych przeze mnie analiz filogenetycznych oraz badań nad zróżnicowaniem populacyjnym tej grupy chrząszczy. Do szczególnie istotnych rezultatów tych ekspedycji należy dotarcie w 2022 roku do silnie izolowanych, unikalnych oaz na pustyni Gobi (region Trans-Altai Gobi), położonych w trudno dostępnych obszarach południowo-zachodniej Mongolii. Według dostępnej literatury oraz informacji uzyskanych od władz rezerwatu

przyrody Great Gobi A Strictly Protected Area, wcześniej nie dotarł tu żaden zespół prowadzący badania entomologiczne. Wyprawy były realizowane we współpracy z lokalnymi instytucjami naukowymi, w tym z Tajik National University (Tadżykistan), National University of Mongolia oraz Institute of Biology, MAS (Mongolia), Institute of Zoology CS MES (Kazachstan) oraz Kyrgyz-Turkish Manas University (Kirgistan).

#### V. Przynależność do stowarzyszeń

Od 2020 r. nieprzerwanie jestem członkiem The Coleopterists Society (USA). W 2024 r. należałem również do Royal Entomological Society (Wielka Brytania), natomiast od 2026 r. jestem członkiem European Society for Evolutionary Biology (Holandia). W przeszłości należałem także do Polskiego Towarzystwa Entomologicznego oraz Śląskiego Towarzystwa Entomologicznego.

#### VI. Poboczna tematyka badań

Zgodnie z międzynarodowymi standardami, obok głównej tematyki badawczej, jaką jest systematyka i biologia ewolucyjna palearktycznych Cerambycidae, prowadzę również badania w odrębnej tematyce. W ramach zespołu badawczego, we współpracy z naukowcami z Mongolian Academy of Sciences oraz University of Szeged, realizujemy badania nad wpływem zgryzania roślinności stepowej i półpustynnej przez zwierzęta hodowlane na zgrupowania stawonogów lądowych w Mongolii. Dotychczas opublikowaliśmy w tym zakresie dwie prace, a trzecia znajduje się obecnie w recenzji.

.....  
*Lede Kupitski*  
.....  
(podpis wnioskodawcy)