

Streszczenie:

Omułki *Mytilus* charakteryzują się bipolarnym (antytropikalnym) rozmieszczeniem geograficznym i są uznawane za inżynierów morskich ekosystemów przybrzeżnych. Naturalne rozmieszczenie gatunków *Mytilus* uzależnione jest od wielu czynników, np. rodzaju podłoża, obecności fitoplanktonu i układu prądów morskich. Omułki mają duże znaczenie konsumpcyjne, dlatego ich hodowle rozpowszechnione są na całym świecie. Introdukowanie omułek doprowadziło do wymieszania populacji w różnych rejonach ich występowania. Najbardziej ekspansywnym gatunkiem omułek jest *M. galloprovincialis*. Podobieństwo morfologiczne gatunków omułek było częstą przyczyną błędnego identyfikowania przynależności gatunkowej oraz pochodzenia geograficznego, co uzasadniało skonstruowanie diagnostycznych markerów molekularnych. Najbardziej precyzyjną identyfikację taksonów umożliwiło opracowanie zestawu loci SNP (polimorfizm pojedynczego nukleotydu). W niniejszej pracy po raz pierwszy zbadano zróżnicowanie genetyczne natywnych populacji *M. galloprovincialis* z całego ich zasięgu geograficznego. Po raz pierwszy zastosowano genotypowanie SNP do określenia zmienności genetycznej introdukowanego *M. galloprovincialis* w Afryce Południowej. Również po raz pierwszy zastosowano genotypowanie SNP do weryfikacji taksonomicznej produktów żywnościowych zawierającej *Mytilus* oferowanych w Europie.

W badaniach zastosowano analiza polimorfizmu pojedynczego nukleotydu (SNP) dla zestawu 53 loci do zbadania zróżnicowania genetycznego naturalnych populacji *Mytilus galloprovincialis* w Morzu Śródziemnym i w akwenach do niego przyległych. Wartości wskaźnika zróżnicowania populacji F_{ST} , analiza korespondencji (CA) i analiza STRUCTURE wykazały istnienie czterech grup populacji *M. galloprovincialis*: populacje reprezentujące formę Atlantycką, populacje w zachodniej części Morza Śródziemnego, populacje z Morza Egejskiego oraz z Morza Marmara, Czarnego i Azowskiego. Populacja *M. galloprovincialis* w Morzu Czarnym reprezentuje podpróbe genotypów z Morza Śródziemnego i powstała najprawdopodobniej przez ekspansję populacji ze wschodniej części Morza Śródziemnego. Współczesne naturalne bariery środowiskowe takie jak układy prądów morskich (np. w rejonie Almeria-Oran) czy gradient zasolenia (na wschód od Dardaneli w Morzu Marmara) sprzyjają utrzymywaniu się zróżnicowania genetycznego populacji naturalnych *M.*

galloprovincialis. Populacje *M. galloprovincialis* wewnątrz Morza Śródziemnego należy uznać za słabo zróżnicowane w zestawieniu ze zróżnicowaną historią poszczególnych basenów, co może być spowodowane przyczynami naturalnymi jak i działalnością człowieka. Nie wykazano zmniejszonego polimorfizmu genetycznego oraz zróżnicowania geograficznego introdukowanych populacji atlantyckiej formy *M. galloprovincialis* z warunków naturalnych i hodowlanych na wybrzeżach Oceanu Atlantyckiego i Indyjskiego Afryki Południowej w porównaniu z populacjami natywnymi.

Zbadano 21 prób żywności, z których pobrano z 491 osobników *Mytilus*. Zidentyfikowano 3 taksony: *M. galloprovincialis*, *M. edulis* i *M. chilensis*. Przeprowadzone badania genetyczne potwierdziły, że większość informacji dotyczących pochodzenia zadeklarowanego na etykietach była poprawna, z kilkoma wyjątkami. Trzy próby omułków pochodzące z okolic ujścia rzeki Ebro w Hiszpanii deklarowane przez sprzedawców jako *M. galloprovincialis*, w wyniku analiz okazały się należeć do *M. edulis*. Ponadto, jedna próba z Włoch oznakowana, jako pochodząca z Morza Śródziemnego była najbardziej podobna do atlantyckiego *M. galloprovincialis*. Uzyskane wyniki badań wykazują, że analiza SNP umożliwia ocenę zgodności informacji dotyczących taksonu i pochodzenia geograficznego znajdujących się na etykietach informacyjnych umieszczanych na produktach żywnościowych *Mytilus*. Weryfikacja danych na etykietach produktów żywnościowych przez zastosowanie analizy SNP umożliwia monitorowanie handlu omułkami na terenie Europy.