

STRESZCZENIE

Magdalena Świsłocka: „Struktura genetyczna populacji łośia (*Alces alces*) w dolinie Biebrzy”

Naturalny zasięg i rozmieszczenie współcześnie żyjących populacji roślin i zwierząt, zamieszkujących północne i umiarkowane obszary Europy, zostały ukształtowane przede wszystkim przez oscylacje klimatu i związane z nimi zmiany w środowisku, które miały miejsce w czwartorzędzie. Jedną z ważniejszych konsekwencji zmian zasięgów różnych gatunków jest występowanie populacji reliktowych, interpretowanych jako ślad z przeszłości, czy wręcz jako „żywy” zapis w postaci potomków osobników, którym udało się przetrwać pewien niekorzystny okres. Relikty stanowią wyraźnie odrębne od pozostałych populacje lub gatunki, charakteryzujące się małą liczebnością i/lub silnie ograniczonym zasięgiem geograficznym. Populacje takie stanowią ważny komponent zmienności wewnątrzgatunkowej i mogą determinować potencjał ewolucyjny jednostki taksonomicznej, w skład której wchodzi. Aby w jednoznaczny sposób zidentyfikować ich pochodzenie i rodzaj reliktu, jaki stanowią, wymagane jest przeprowadzenie badań z wykorzystaniem markerów genetycznych o różnym sposobie dziedziczenia.

Gębczyńska i Raczyński (2004) sugerowali, że biebrzańska populacja łośi, która zasiedliła obszar doliny Biebrzy najprawdopodobniej po ostatnim zlodowaceniu, jest autochtoniczna i może stanowić najdalej na zachód Europy wysunięty reliktdawnego, naturalnego zasięgu tego gatunku. Populacja ta doświadczyła serii licznych, znaczących redukcji liczebności w czasach historycznych i była w istotnym stopniu izolowana od innych, europejskich populacji tego gatunku. W związku z tym, jako główny cel moich badań obrałam określenie struktury genetycznej unikalnej w skali Europy Środkowej populacji łośi w dolinie Biebrzy za pomocą różnych klas markerów molekularnych, podlegających swoistym zasadom dziedziczenia: sekwencje mitochondrialnego DNA (region kontrolny, *mtDNA-cr* i cytochrom b, *cytb*) dziedziczonego w linii matczynej, sekwencje *YCATS* wraz z genem *SRY* zlokalizowane na chromosomie Y, które dziedziczone są w linii ojcowskiej, a także potencjalnie podlegające doborowi sekwencje genu *MHC II DRB* oraz neutralne loci mikrosatelitarnego DNA, dziedziczone po obojgu rodzicach. W analizach uwzględniłam 155 łośi pochodzących z doliny Biebrzy, 433 osobniki z pozostałego obszaru występowania gatunku w Polsce, 15 osobników z Litwy oraz 9 z Niemiec.

W próbie z Polski zidentyfikowałam 12 haplotypów mtDNA u łośi, w tym siedem nowych w skali Europy, co podkreśla rolę Polski jako bardzo ważnego obszaru zmienności tego gatunku. Zidentyfikowane warianty genetyczne mtDNA-cr u łośi reprezentują kład Ural (haplotypy „fińskie” H2, H3 i H4) oraz Centralna Europa, w obrębie którego tworzą trzy gałęzie: Biebrza (H1, H10, H13), Polesie (H12 i H20) i Fennoscandia (H6, H11, H17 i H22). Obecność w Polsce łośi wywodzących się z kilku linii ewolucyjnych, które szczyt ostatniego zlodowacenia przetrwały w różnych refugiach glacialnych, jest głównym czynnikiem odpowiedzialnym za wysoki poziom zmienności genetycznej łośia na terenie naszego kraju. Między poszczególnymi liniami filogenetycznymi łośi wytworzyła się wtórna strefa kontaktu, zlokalizowana w Polsce północno-wschodniej. Ważną rolę w kształtowaniu obserwowanego wzoru zmienności u łośia odegrały również kierunek kolonizacji Polski i ekspansja przestrzenna, które przebiegały ze wschodu na zachód. Z kolei, czynnik ludzki jest odpowiedzialny za występowanie w Polsce łośi posiadających haplotyp mtDNA-cr H6, reprezentujący typowy wariant dla łośi szwedzkich oraz haplotyp H11, stanowiący ślad po udanej reintrodukcji łośi z Białorusi w 1951 roku.

W populacji łośi w dolinie Biebrzy stwierdziłam u większości osobników (81%) obecność unikalnego haplotypu H1, reprezentującego jeden z bardziej zróżnicowanych europejskich wariantów genetycznych mtDNA-cr. Haplotyp H1 razem z haplotypami H10 i H13 oraz haplotypem H18, zidentyfikowanym wyłącznie w materiale muzealnym, tworzy na drzewie filogenetycznym w obrębie kładu Centralna Europa gałąź Biebrza. Stanowi on dowód, że populacja łośi, która tam występuje i zapewne zasiedliła obszar doliny Biebrzy po ustąpieniu ostatniego zlodowacenia jest autochtoniczna. Osobniki posiadające haplotypy należące do gałęzi Biebrza różnicowały się od pozostałych łośi europejskich reprezentujących gałęzie Polesie i Fennoscandia przed ostatnim zlodowaceniem. U samców w populacji biebrzańskiej występują dwa warianty genetyczne odcinka *DBY14* zlokalizowanego na chromosomie Y. Obok haplotypu H1-*DBY14*, reprezentującego wariant tego genu najczęściej stwierdzany u łośi, zidentyfikowałam również haplotyp H2-*DBY14*, który z wyjątkiem populacji reintrodukowanej w Kampinoskim Parku Narodowym, w pozostałych współczesnych populacjach łośi z Polski nie został odnaleziony. Haplotyp H2-*DBY14* może być kolejnym śladem pozostawionym przez samce wywodzące się z autochtonicznej populacji łośi w dolinie Biebrzy, która skolonizowała ten obszar po ustąpieniu ostatniego zlodowacenia. W populacji biebrzańskiej zidentyfikowałam największą liczbę alleli ($N = 8$) w genie *MHC II DRB*, spośród których allel *DRB1*11* jest unikalny dla tej populacji i poza nią nie został nigdzie stwierdzony. Różnice we frekwencji alleli genu

MHC II DRB między populacjami łośi w Polsce mogą podlegać wpływowi doboru równoważącego, faworyzującego heterozygoty i utrzymującego różnorodność alleli. Reliktowy charakter populacji biebrzańskiej potwierdzają także analizy mikrosatelitarnego DNA, które wykazały, że populacja ta wyróżnia się posiadaniem unikalnych alleli, jak również najwyższą średnią liczbą alleli w poszczególnych loci. Między populacjami łośi zlokalizowanymi w Polsce północno-wschodniej zidentyfikowałam silnie ograniczony przepływ genów w przypadku samic. Reliktowa populacja biebrzańska wydaje się pozostawać w izolacji w stosunku do pozostałych analizowanych populacji łośi, z wyjątkiem kilku populacji „mazurskich”, w których udział osobników posiadających haplotyp mtDNA-cr H1, a więc o pochodzeniu „biebrzańskim”, jest dominujący.

Na podstawie powyższych wyników badań genetycznych, reliktowa populacja łośi w dolinie Biebrzy powinna zostać wyróżniona jako specjalna jednostka zarządzania, która zachowała swoją odrębność genetyczną i jest w znacznym stopniu izolowana, a przez co demograficznie niezależna od innych populacji. Populacja ta w skali europejskiego zasięgu łośia wyróżnia się relatywnie niedużą liczebnością, ograniczonym zasięgiem geograficznym, które stanowią cechy właściwe populacjom reliktowym.