

Wykorzystanie analiz kopalnego DNA (aDNA) do rekonstrukcji filogenezy i ewolucji populacji nornika północnego (*Alexandromys oeconomus*)

Streszczenie

Gwałtowne zmiany klimatyczne i środowiskowe w późnym plejstocenie (ok. 129–11,7 tys. lat temu) zwłaszcza podczas ostatniego zlodowacenia wywarły ogromny wpływ na historię ewolucyjną większości gatunków. Jednakże to małe ssaki wydają się być odpowiednie do badania wpływu wahań klimatu na dynamikę populacji, ponieważ w przeciwieństwie do przedstawicieli megafauny były w niewielkim stopniu dotknięte aktywnością paleolitycznych ludzi, a dynamika ich populacji była napędzana głównie zmianami środowiskowymi. Jednym z interesujących w tym kontekście gatunków jest nornik północny, *Alexandromys oeconomus* (Pallas, 1776), będący przykładem gryzonia przystosowanego do zimnego środowiska, szeroko rozpowszechnionego w Palearktyce i zachodniej części Nearktyki, Alasce i zachodniej Kanadzie. W okresie ostatniego zlodowacenia *A. oeconomus* był bardziej rozpowszechniony w Europie niż obecnie, jednak ze względu na specyficzne wymagania siedliskowe wykazywał nierównomierne rozmieszczenie.

W celu zrekonstruowania najbardziej prawdopodobnych relacji filogenetycznych i demografii populacji *A. oeconomus* od czasu plejstocenu, zsekwencjonowano 33 genomy mitochondrialne (mtDNA) z okazów współczesnych oraz 148 antycznych genomów mitochondrialnych pochodzących z kopalnych okazów z 26 stanowisk paleontologicznych. Drugi zbiór danych zawierający znacznie więcej próbek składał się z nowo pozyskanych oraz zdeponowanych w GenBank sekwencji markera molekularnego cytochromu b (cytb). Ponadto, w ramach pracy doktorskiej uzyskano daty radiowęglowe 10 okazów, które zostały wykorzystane do kalibracji zegara molekularnego. W oparciu znane szczątki kopalne zastosowano do kalibracji również czas rozejścia się *Alexandromys oeconomus* od blisko spokrewnionego gatunku, nornika wschodniego *Alexandromys fortis*, przyjętego jako grupę zewnętrzną.

„BioTechNan – Program Interdyscyplinarnych Środowiskowych Studiów Doktoranckich KNOW z obszaru Biotechnologii i Nanotechnologii”

Na podstawie porównania dwóch podejść do kalibracji zegara molekularnego dla dwóch zbiorów danych (mtDNA i cyt b) stwierdzono, że na wyliczenie czasów dywergencji ma mniejszy wpływ zbiór sekwencji niż metody kalibracji. Przeprowadzone analizy pokazały, że populacje nornika północnego można podzielić na dwie główne grupy obejmujące osobniki azjatycko-amerykańskie oraz europejskie, a Azja Zachodnia i Środkowa była początkowym rejonem ewolucji tego gatunku. Prezentowane wyniki rozwiązują dotychczasowe wątpliwości związane z ewolucją badanego gryzonia. Mianowicie wykazano, że Europa Północna została zasiedlona z refugium z Europy Środkowej i Wschodniej, co najmniej trzy razy oraz, że populacje na Syberii i Alasce skolonizowały Amerykę Północną po przekroczeniu Cieśniny Beringa pod koniec ostatniego zlodowacenia, około 22-15 tys. lat temu, a nie dużo wcześniej. Na podstawie czasów dywergencji poszczególnych grup i linii filogenetycznych nornika północnego oraz porównania ich z okresami MIS i krzywą izotopu tlenu $\delta^{18}\text{O}$ opisującą zmiany klimatyczne, wykazano m.in., że rozdzielenie norników azjatyckich i europejskich nastąpiło przed ostatnim zlodowaceniem, a dalsze różnicowanie następowało w czasie ostatniego glacjału. Czas największego różnicowania pokrywa się z czasem wystąpienia interstadiałów Hengelo-Charbon (43-41 tys. lat temu) i Denekamp-Grand Bois (36-33 tys. lat temu), natomiast w czasie maksimum ostatniego zlodowacenia (LGM) miało miejsce wymieranie wielu linii europejskich. W czasie ocieplania klimatu dochodziło do dalszych migracji i zasiedlania nowych obszarów m.in. skolonizowania Ameryki Północnej i ponownego zasiedlenia Fennoskandii. Ponadto, przeprowadzone analizy wskazują, że wzrost liczby linii filogenetycznych i efektywnej wielkości populacji był związany z ocieplaniem się klimatu, a ich spadki z ochładzaniem, największe zmniejszenie tych wartości zaszło w LGM. Wyróżnione grupy charakteryzowały się odmiennym zróżnicowaniem genetycznym. Największą zmienność wykazały populacje długo ewoluujące na dużym obszarze Azji, od Uralu do środkowej części Azji. Natomiast najmniejszą zmienność wykazały grupy, które wyewoluowały niedawno i zasiedliły nowe obszary, jak Fennoskandię i Europą północno-wschodnią aż po Ural. Uzyskane wyniki pozwoliły na zrekonstruowanie rozmieszczenia



Unia Europejska
Europejski Fundusz Społeczny



*„BioTechNan – Program Interdyscyplinarnych Środowiskowych Studiów Doktoranckich KNOW
z obszaru Biotechnologii i Nanotechnologii”*

geograficznych przodków poszczególnych linii filogenetycznych oraz czasów i potencjalnych dróg migracji populacji *A. oecconomus*.



Politechnika Wroclawska



Uniwersytet
Wrocławski



UNIWERSYTET
PRZYRODNICZY
WE WROCŁAWIU

Projekt współfinansowany przez Unię Europejską w ramach Europejskiego Funduszu Społecznego