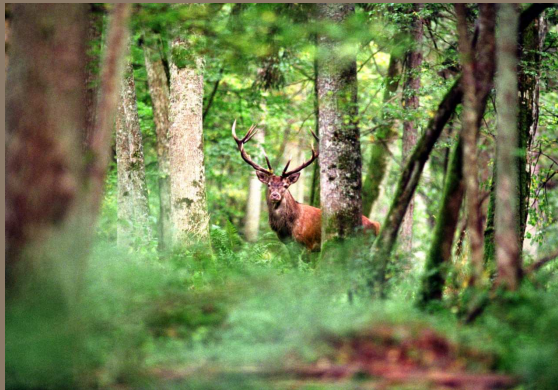


Badania genetyczne nad populacją jelenia w północno-wschodniej Polsce

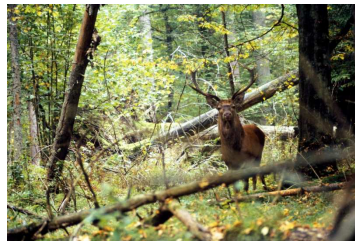
Magdalena Niedziałkowska, Bogumiła Jędrzejewska, Jan Marek Wójcik
Instytut Biologii Ssaków PAN w Białowieży



Fot. S. Wąsik

Cele badań

- 1) Poznanie zmienności genetycznej populacji jeleni zamieszkujących 8 puszczy północno-wschodniej Polski
- 2) Odtworzenie historii badanej populacji ze szczególnym uwzględnieniem ostatnich 200 lat
- 3) Określenie przepływu genów między kompleksami leśnymi badanego regionu i czynników go determinujących



Fot. S. Wąsik

Metody badawcze

Badania genetyczne

- Analiza długości 14 markerów mikrosatelitarnych (303 próby);

(krótkich fragmentów jądrowego DNA dziedziczonych w równym stopniu od ojca i matki)

- Analiza fragmentu mitochondrialnego DNA (mtDNA) (217 prób);

(krótki fragment DNA, dziedziczony tylko w linii matczynej)

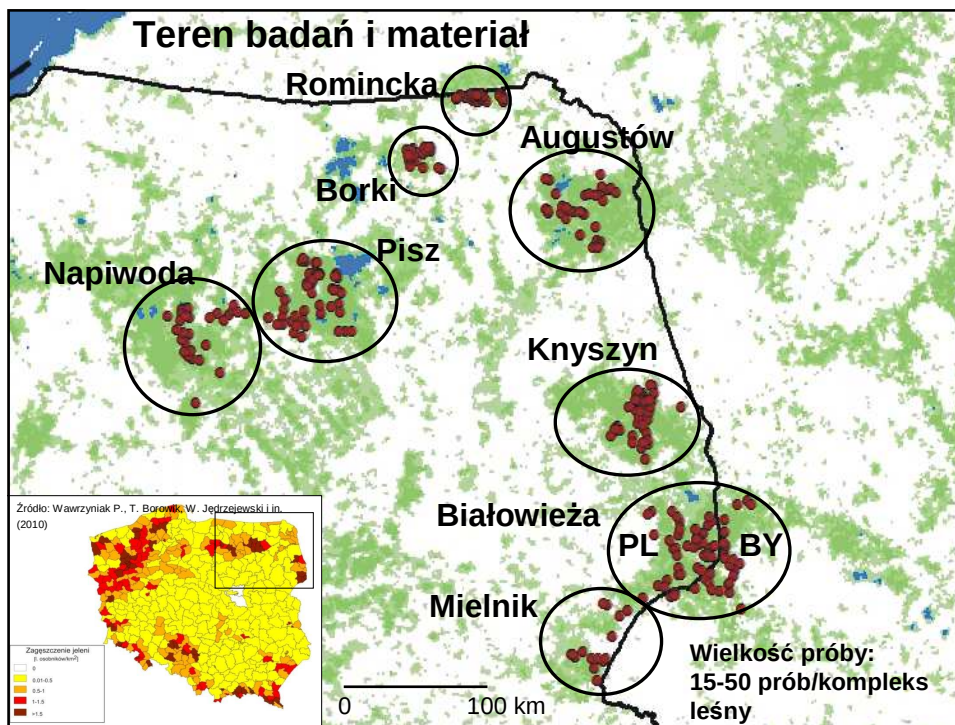
Metody badawcze c.d.

Historia populacji

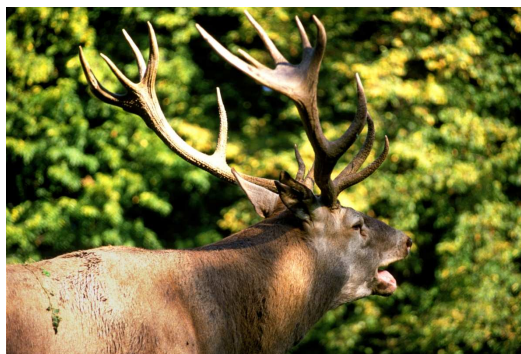
Poszukiwanie danych archiwalnych dot. historii występowania jeleni w regionie północno-wschodniej Polski (literatura łowiecka, wywiady z leśniczymi i myśliwymi, archiwalne dane Lasów Państwowych);

Analizy przestrzenne

Analizy przestrzenne z wykorzystaniem Geograficznych Systemów Informacji (GIS) i map Corine 2000 Land Cover (mapy przedstawiające różne formy użytkowania terenu);

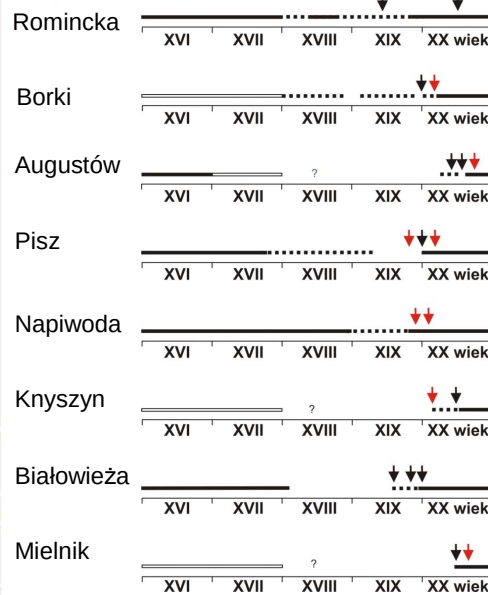


Rekonstrukcja historii populacji

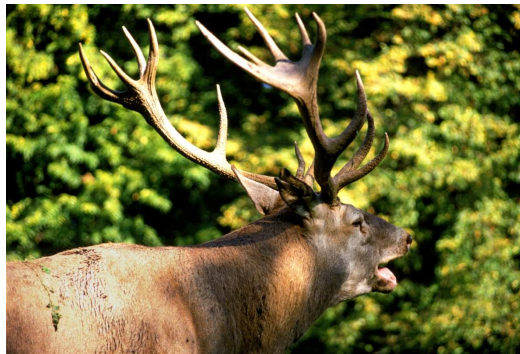


Fot. S. Wąsik

Wyniki - Rekonstrukcja historii populacji



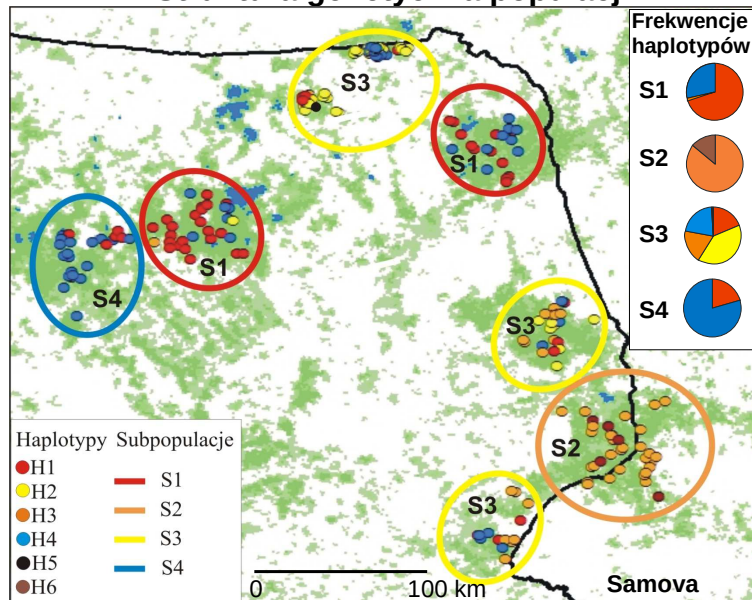
Analizy mitochondrialnego DNA



Fot. S. Wąsik

Wyniki – Analizy mtDNA

Struktura genetyczna populacji



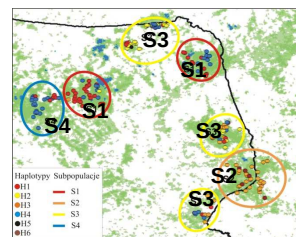
Wyniki – Analizy mtDNA

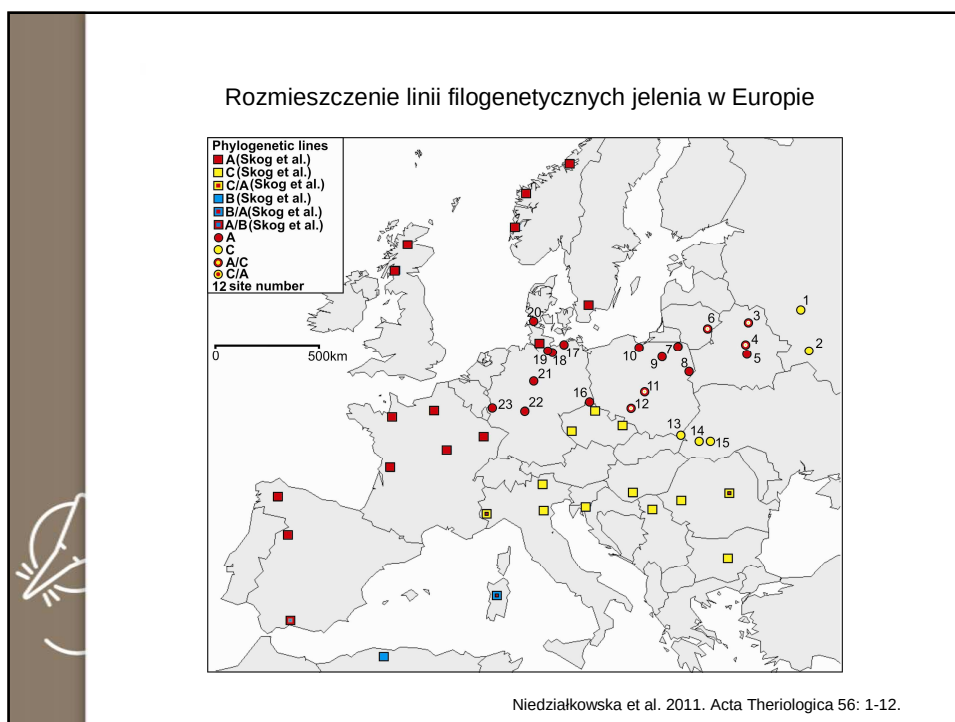
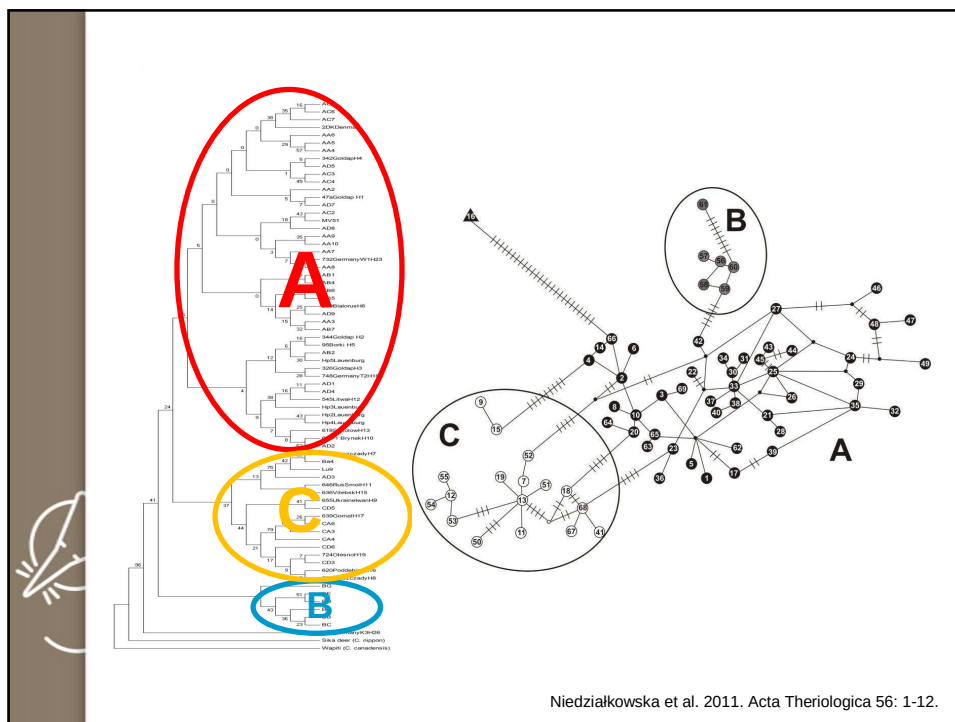
Współczynnik Φ_{st} obliczony między parami subpopulacji

	S1	S2	S3
S2	0,73		
S3	0,40	0,24	
S4	0,30	0,72	0,32

dla wszystkich par: $p < 0,001$

Φ_{st}
 0,0-0,05 małe zróżnicowanie
 0,05-0,15 umiarkowane zróżnicowanie
 0,15-0,25 duże zróżnicowanie
 > 0,25 bardzo duże zróżnicowanie





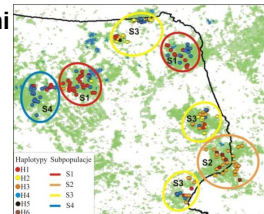
Podsumowanie historii i analiz mtDNA

Rozmieszczenie subpopulacji mtDNA wynika z historii populacji:

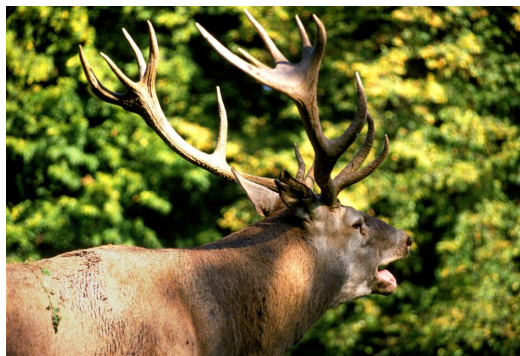
- **S1**: reintrodukcja jeleni z Niemiec, przesiedlenia do Puszczy Augustowskiej z Pojezierza Mazurskiego
- **S2**: reintrodukcja jeleni przed II wojną światową ze Spawy, Śląska, Niemiec ...
- **S3**: reintrodukcje jeleni w latach 50-tych i 60-tych XX w., naturalne migracje
- **S4**: prawdopodobnie jedyna naturalna populacja (brak informacji o przesiedleniach, naturalne migracje)

Słaby przepływ haplotypów między subpopulacjami wynika z ograniczonej dyspersji łań

Jelenie z północno-wschodniej Polski są najbliższymi spokrewnionymi z jeleniami z Europy północnej i zachodniej;



Analizy mikrosatelitarnego DNA



Fot. S. Wąsik

Wyniki – analizy mikrosatelitarnego DNA

Zróżnicowanie genetyczne jeleni z terenu północno-wschodniej Polski

Najwyższe wartości pogrubiono

Pop	August	Biał BY	Biał PL	Borki	Romin	Knysz	Mieln	Napiw	Pisz
Ho	0,68	0,63	0,66	0,55	0,69	0,73	0,68	0,74	0,69
He	0,77	0,78	0,80	0,69	0,80	0,81	0,77	0,77	0,79
Fis	0,14	0,19	0,18	0,22	0,14	0,11	0,16	0,05	0,14

Ho - heterozygotyczność obserwowana

He - heterozygotyczność przewidywana

Fis - współczynnik wsobności

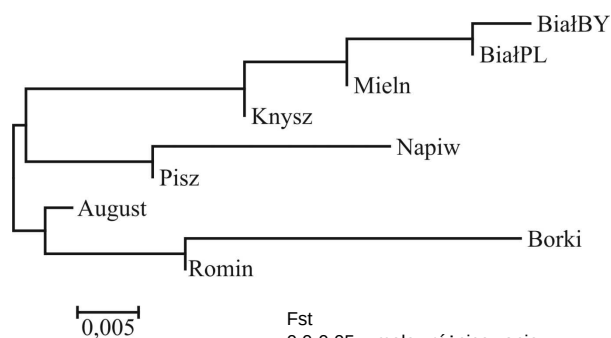


Fot. S. Wąsik

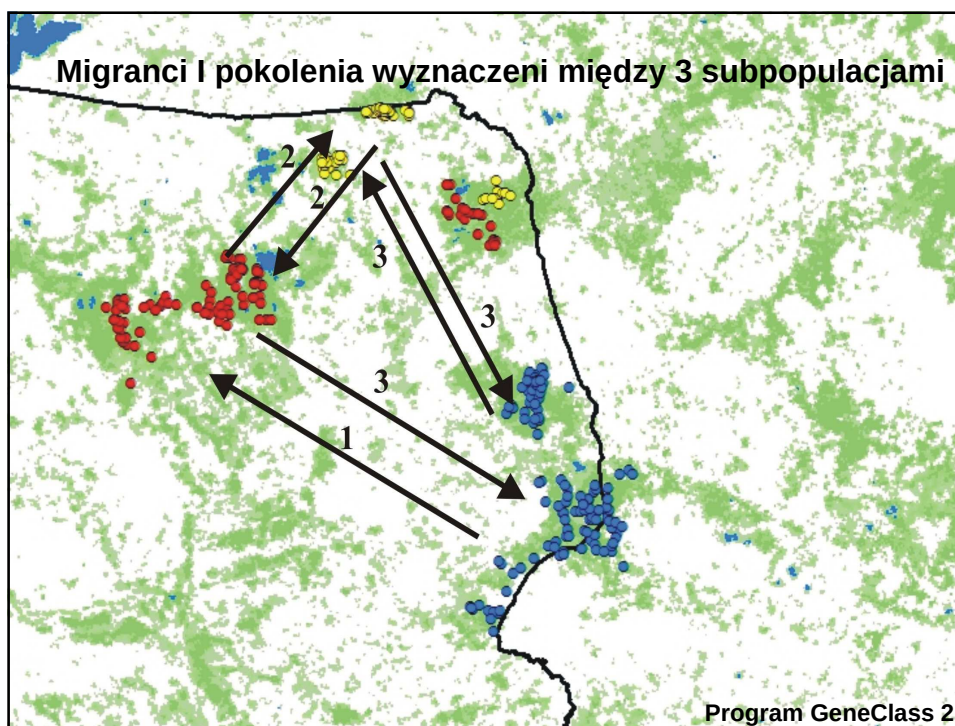
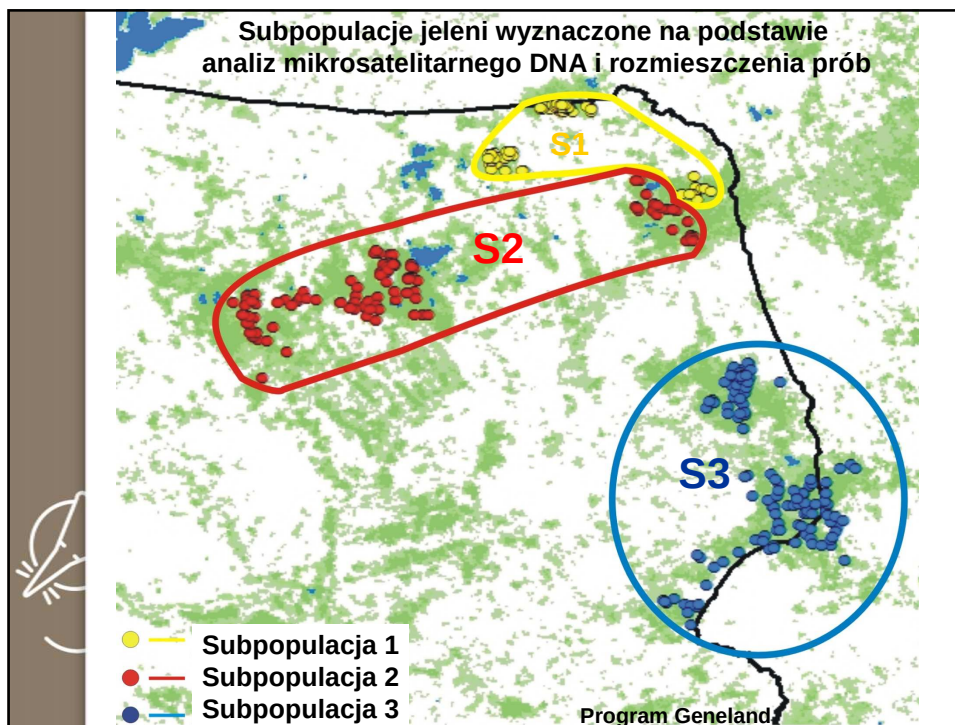
Wyniki – analizy mikrosatelitarnego DNA

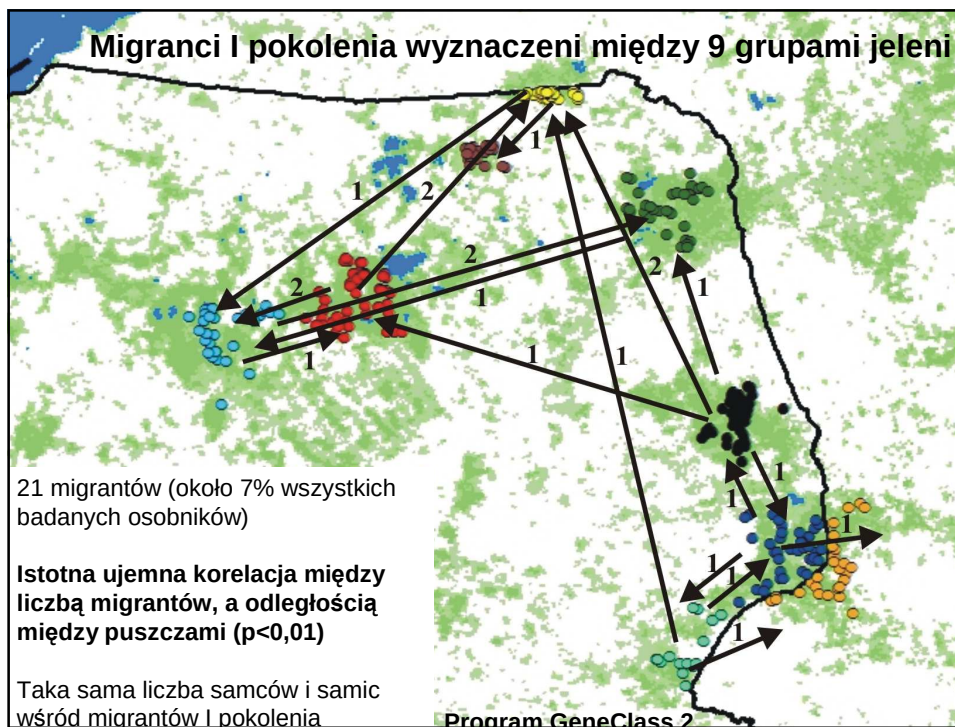
Drzewo dystansów genetycznych Fst skonstruowane metodą Neighbour-Joining

Zakres wartości Fst: 0,002-0,087



Fst
 0,0-0,05 małe zróżnicowanie
 0,05-0,15 umiarkowane zróżnicowanie
 0,15-0,25 duże zróżnicowanie
 > 0,25 bardzo duże zróżnicowanie





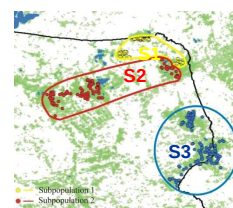
Podsumowanie historii i analiz mikrosatelitarnego DNA

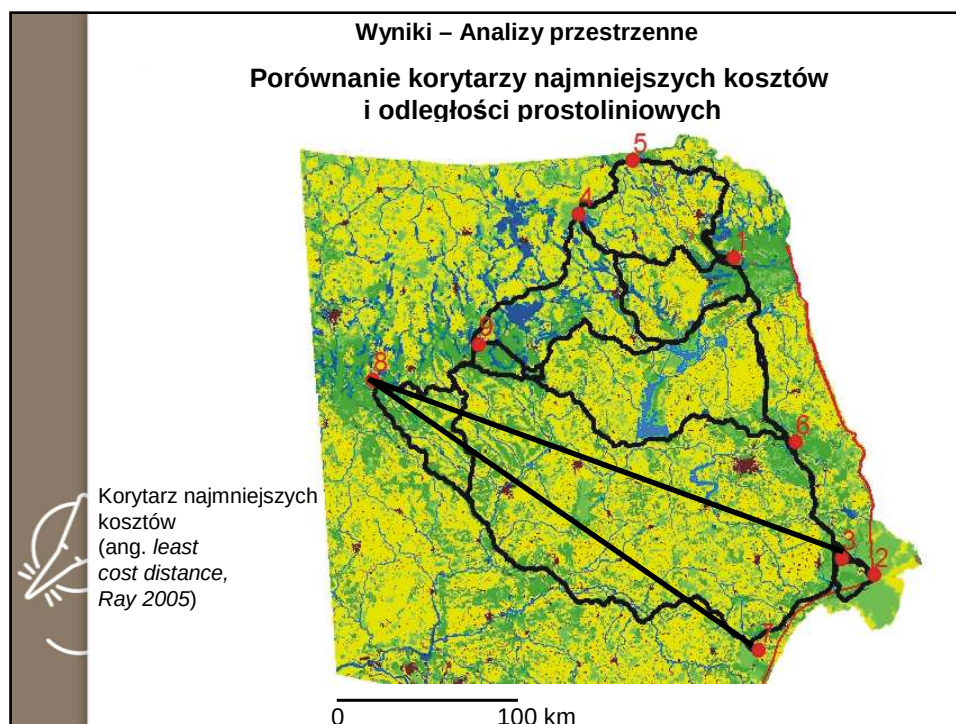
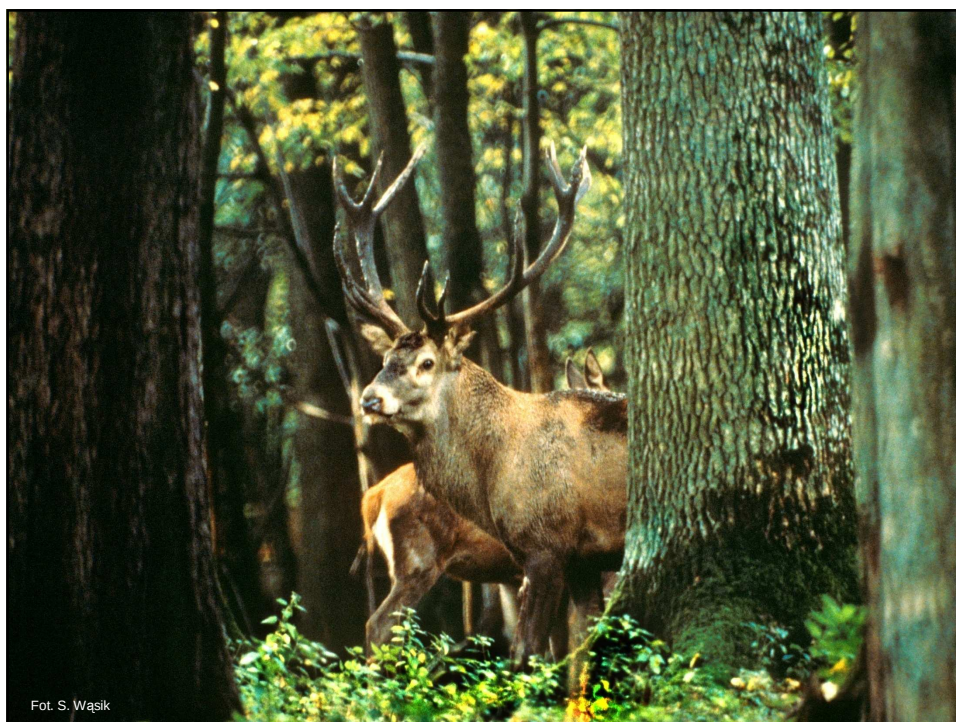
Rozmieszczenie subpopulacji mikrosatelitarnego DNA wynika z historii populacji i naturalnych migracji:

- **S1**: przesiedlenia jeleni z Puszczy Rominckiej do Boreckiej, naturalne migracje między puszczami
- **S2**: reintrodukcja jeleni z Niemiec do Puszczy Piskiej, przesiedlenia z Mazur do Puszczy Augustowskiej, naturalne migracje
- **S3**: reintrodukcje m.in. ze Śląska, z Niemiec, naturalne migracje między puszczami

2. Zróżnicowanie genetyczne badanej populacji jest duże

3. Istnieje przepływ genów między subpopulacjami i poszczególnymi kompleksami leśnymi





Wyniki – Analizy przestrzenne

Korelacje dystansu genetycznego i przestrzennego

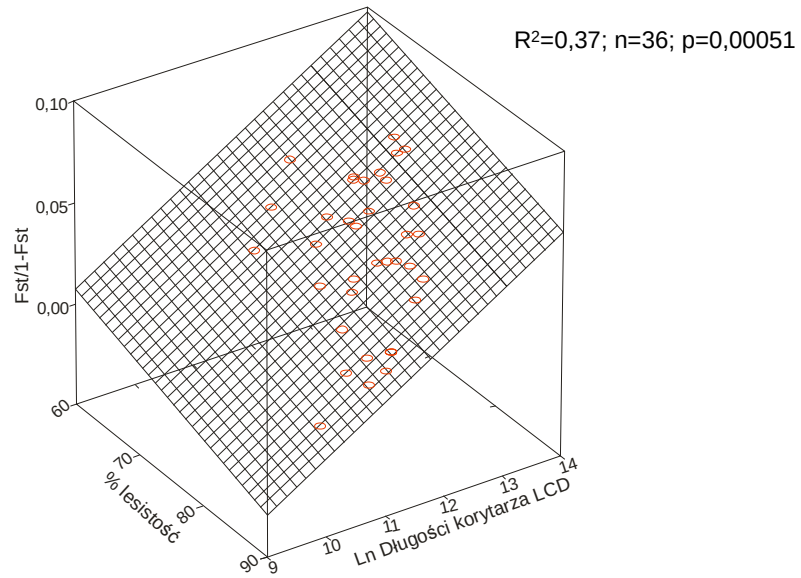
Dystans genetyczny	Dystans przestrzenny	Korelacja	
		<i>r</i>	<i>p</i>
Fst/(1-Fst)	Odległości prostoliniowe	0,553	0,001
Fst/(1-Fst)	Długość korytarza najmniejszych kosztów	0,545	0,001

Wyniki – Analizy przestrzenne

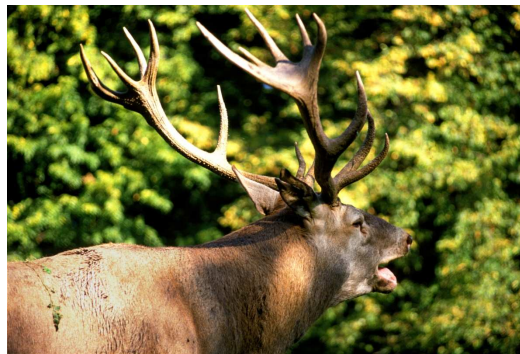
Najlepsze modele wybrane w analizach AIC (kryterium informacyjne Akaike)

Zmienne niezależne włączone do modelu	Modele wybrane przez AIC			
	<i>k</i>	<i>R</i> ²	Δ AIC	<i>ω_i</i>
Korytarz najmniejszych kosztów				
Długość korytarza (ln), lesistość (%)	4	0,368	0	0,631
Korytarz najkrótszych odległości				
Najkrótsza odległość (ln), lesistość (%), wody (%),	5	0,383	0	0,255

Zależność dystansu genetycznego od długości korytarza LCD i lesistości

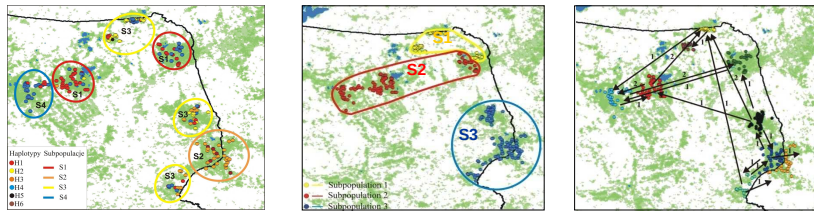


Wnioski końcowe



Fot. S. Wąsik

Podsumowanie wyników



1. Subpopulacje wyznaczone z analiz mtDNA wynikają z różnej historii lokalnych grup jeleni (wymieranie, różne źródła reintrodukcji);
2. Subpopulacje wyznaczone z analiz mikrosatelitarnego DNA wynikają z historii populacji oraz z migracji osobników między kompleksami leśnymi;
3. Liczba migrantów między puszczami zależy od odległości i zachowanej łączności między nimi (korytarze leśne);
4. Różnice między subpopulacjami mtDNA i mikrosatelitarnymi wynikają prawdopodobnie z różnic w tempie migracji między płciami.

**Historia populacji jelenia w Polsce
północno-wschodniej miała większy
wpływ na ich obecną strukturę genetyczną
niż fragmentacja środowiska
i obecność barier migracyjnych**

Podziękowania:

Chciałabym serdecznie podziękować
Pracownikom Lasów Państwowych z terenu północno-wschodniej Polski
i wszystkim pozostałym osobom, które pomagały mi zbierać próby do
badań genetycznych, udostępniły mi materiały archiwalne oraz udzieliły mi
informacji dotyczących historii badanej populacji jeleni

Projekt był finansowany przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
(granty nr 2 P06L 006 29 i nr 0379/P01/2007/32),
oraz budżet Zakładu Badania Ssaków PAN

