

VIII

KONFERENCJA CONFERENCE



16-18.09.2026
BIAŁOWIEŻA

INTERDYSCYPLINARNE BADANIA FAUNY PLEJSTOCENU
I HOLOCENU W EURAZJI

INTERDISCIPLINARY RESEARCH ON THE PLEISTOCENE
AND HOLOCENE FAUNA OF EURASIA

KSIĄŻKA ABSTRAKTÓW
BOOK OF ABSTRACTS



Instytut Biologii Ssaków
Polskiej Akademii Nauk
Białowieża



Komitet
Biologii Środowiskowej
i Ewolucyjnej

Organizatorzy/Organizers:

Polska Akademia Nauk - program Otwarta Nauka

Instytut Biologii Ssaków PAN

Komitet Biologii Środowiskowej i Ewolucyjnej PAN

Komitet organizacyjno-naukowy/Scientific-organization committee:

dr hab. Magdalena Niedziałkowska

prof. dr hab. Rafał Kowalczyk

dr hab. Maciej Krajcarz

dr hab. Tomasz Samojlik

dr Magdalena Krajcarz

Monika Karpiuk

Małgorzata Szczerba

Ewa Wołoncewicz



Instytut Biologii Ssaków
Polskiej Akademii Nauk
Białowieża



Komitet
Biologii Środowiskowej
i Ewolucyjnej

PROGRAM/PROGRAMME

Środa, 16 września 2026

17.00 – 19.00  Rejestracja/Registration (hall główny Instytutu/the main hall of the Institute)

19.00  Ognisko/Bonfire (wiata ogniskowa na tyłach instytutu/ a bonfire place at the back of the institute)

Czwartek, 17 września 2026

Sala konferencyjna IBS PAN/ Conference hall of MRI PAS

8.30 - 8.40 Otwarcie konferencji/ Opening of the conference

I sesja referatowa/oral presentation session: 8.40 – 10.30

8.40 – 9.10 Bogumiła Jędrzejewska, Kamila Plis, Magdalena Niedziałkowska: *Filogeografia siostrzanych blisko spokrewnionych gatunków saren *Capreolus capreolus* i *C. sibiricus* w Eurazji i zagadka ich hybrydyzacji*

9.10 – 9.30 Aleksandra Żeromska, Mateusz Baca, Danijela Popović, Urszula Ratajczak-Skrzatek, Krzysztof Stefaniak, Adam Nadachowski, Paula F. Campos, Alexandru Petculescu, Magdalena Krajcarz, Oleksandr Kovalchuk, Victoria Smagol, Bogdan Ridush, Paweł Mackiewicz: *Historia ewolucyjna suhaka stepowego (*Saiga tatarica*) na podstawie analizy kopalnego DNA*

9.30 – 9.50 Magdalena Niedziałkowska, Piotr Chibowski, Joanna Gornia, Emilia Hofman-Kamińska, Krzysztof Stefaniak, Danijela Popović, Mateusz Baca, Rafał Kowalczyk, Bogdan Ridush, Oleksandr Kovalchuk, Urszula Ratajczak-Skrzatek, Daniel Makowiecki, Kamilla Pawłowska, Lembi Lõugas, Eve Rannamäe, Ulrich Schmölcke, Jarosław Wilczyński, Grzegorz Lipecki, Ralph Fyfe, Jessie Woodbridge, Paweł Mackiewicz, Małgorzata Suska-Malawska: *Łoś eurazjatycki – nietypowy gatunek refugialny: 50 tys. lat zmian siedliskowych i stabilności diety*

9.50 – 10.10 Krzysztof Stefaniak, Katarzyna Zarzecka-Szubińska, Adam Nadachowski, Sylwia Pospuła, Andrea Pereswiet-Soltan, Paweł Valde-Nowak, Paweł Mackiewicz, Aleksandra Żeromska, Mateusz Baca, Alicja Anna Kaźmierkiewicz, Marián Soják: *Skalne duchy przeszłości – czwartorzędowe koziorożce z Europy Środkowej*

10.10 - 10.30 Sylwia Pospuła, Bogdan Ridush, Mateusz Baca, Alicja Anna Kaźmierkiewicz, Paweł Mackiewicz, Aleksandra Żeromska, Urszula Ratajczak-Skrzatek, Krzysztof Stefaniak, Magdalena Słupińska, Mariusz Polok, Andrea Pereswiet-Soltan: *Wymarły koziorożec Albanii – ostatnie występowanie w południowej Europie*

10.30 – 10.50  Przerwa kawowa/ Coffee break

II sesja referatowa/oral presentation session: 10.50 – 12.45

10.50 – 11.10 Jarosław Wilczyński, Martin Novák, Marc Händel: *Populacje mamuta włochatego i społeczności łowiecko-zbierackie w późnym plejstocenie Europy Środkowej*

11.10 – 11.30 Nina Kowalik, Oliwia Oszczepalińska, Florent Rivals: *Rekonstrukcja formowania szkliwa i diety młodocianego mamuta włochatego (Mammuthus primigenius) w oparciu o analizy histologiczne i mikrostarca.*

11.30 – 11.50 Piotr Wojtał, Jarosław Wilczyński: *Od potrawki z zająca do steku z mamuta: dwa modele strategii przetrwania łowców-zbieraczy okresu graweckiego*

11.50 – 12.10 Maciej T. Krajcarz, Magdalena Krajcarz, Rafał Kowalczyk: *Zróżnicowanie izotopowych poziomów odniesienia węgla i azotu w czwartorzędowych ekosystemach lądowych – projekt ISOBASE*

12.10 – 12.30 Rafał Kowalczyk, Dorothée G. Drucker, Tomasz Borowik, Emilia Hofman-Kamińska, Tomasz Kamiński, Hervé Bocherens, Maciej T. Krajcarz: *The carbon stable isotope canopy effect extends beyond the edges of temperate forest*

12.30 – 12.45 *Zuzanna Majbrodzka: *Najlepszy przyjaciel człowieka, czy dogodna ofiara? Depozyty zwierzęce z osady kultury przeworskiej w Inowrocławiu, stan. 95*

12.45 – 13.45  Przerwa obiadowa/ Lunch break

III sesja referatowa/oral presentation session (studenci/students): 13.45 – 15.00

13.45 – 14.00 *Olha Synkovska, Joanna Piątkowska-Małecka: *Bydło w średniowiecznej sieci osadniczej rejonu Sanoka. Wstępne wyniki interdyscyplinarnych badań*

14.00 – 14.15 *Michał Golubiński, Barbara Bujalska, Kacper Martyka, Izabela Mellin-Wyczółkowska, Martyna Molak, Łukasz Maurycy Stanaszek, Zuzanna Wyczółkowska, Mateusz Baca: *Zachodni Bałtowie na tle przemian demograficznych Europy Środkowej w świetle badań archeogenomicznych*

14.15 – 14.30 *Karol Karbowski, Krzysztof Stefaniak, Jarosław Wilczyński, Urszula Ratajczak-Skrzatek: *Wielki nieobecny? Equus hydruntinus Regalia, 1907 na ziemiach polskich – studium przypadku z Jaskini w Dziadowej Skale*

14.30 – 14.45 *Oliwia Oszczepalińska, Piotr Wojtał, Ursula B. Göhlich, Martina Roblíčková, Jarosław Wilczyński: *Which reindeer were hunted? Patterns of prey selection at gravettian open-air sites in central Europe*

14.45 – 15.00 *Izabela Cabała, Maciej T. Krajcarz, Marcin Szymanek: *Zapis izotopowy muszli ślimaków lądowych w świetle danych malakologicznych*

15.30 – 18.30  Wycieczka do Puszczy Białowieskiej /Excursion to the Białowieża Forest

19.00  Ognisko/Bonfire (wiata ogniskowa na tyłach instytutu/ a bonfire place at the back of the institute)

Piątek, 18 września 2026

Sala konferencyjna IBS PAN/ Conference hall of MRI PAS

IV sesja referatowa/ oral presentation session (studenci, students): 8.30 – 10.30

8.30 – 8.45 *Paulina Laskowska-Piekoszewska, Witold Paweł Alexandrowicz: *Zróźnicowanie środowiska osadów lessowych Wyżyny Krakowsko-Częstochowskiej w świetle analizy malakologicznej*

8.45 – 9.00 *Luca Ranza, Małgorzata Tokarska: *Too broken to be useful or anything is better than nothing? Exploring the possibilities and limitations offered by 3D approaches to the study of fragments from the past*

9.00 – 9.15 *Lena Matyaszczyk: *Kierunki zmian morfologicznych lisa rudego *Vulpes vulpes* (Linnaeus, 1758) i lisa polarnego *Vulpes lagopus* (Linnaeus, 1758) w kontekście przemian klimatycznych późnego plejstocenu Europy Środkowej*

9.15 – 9.30 *Przemysław Czernek, Katarzyna Zarzecka-Szubińska, Adrian Marciszak, Krzysztof Stefaniak: *Aktywność hieny jaskiniowej *Crocota crocota spelaea* (Goldfuss, 1823) na stanowisku w Jaskini Biśnik*

9.30 - 9.45 *Aleksandra Kropczyk, Adrian Marciszak: *Psowate z Góry Połom (Sudety Zachodnie) jako zapis zmian środowiskowych późnego plejstocenu*

9.45 – 10.00 *Gabriela Damentka, Barbara Bujalska, Claudio Berto, Grégory Abrams, Kevin Di Modica, Lutz Maul, Marco Peresani, Alexander Bukhnikashvili, Vasil Popov, Elisa Luci, Mateusz Baca: *Historia ewolucji gatunków z podrodzaju *Terricola*, zrekonstruowana na podstawie współczesnych i kopalnych genomów jądrowych i mitochondrialnych*

10.00 – 10.15 *Alicja Anna Kaźmierkiewicz, Betty Mouraud, Amelia Wolanin, Barbara Bujalska, Michał Golubiński, Ivan Horáček, Anna Lemanik, Adam Nadachowski, Alexandru Petculescu, Joanna Stojak, Mateusz Baca: *Wpływ klimatu na dynamikę populacji dwóch gatunków norników z rodzaju *Microtus* w Karpatach Zachodnich: badania kopalnego DNA*

10.15. –10.30 *Sylwia Pospuła, Maciej Burza, Anna Lemanik, Lena Matyaszczyk, Krzysztof Wertz, Jarosław Wilczyński, Maciej Krajcarz, Andrea Pereswiet-Soltan: *Jaskinia Graniczna – wyjątkowe stanowisko fauny kopalnej Wyżyny Krakowsko-Częstochowskiej*

10.30 – 10.55  Przerwa kawowa/ Coffee break

V sesja referatowa/oral presentation session: 10.55 – 12.50

10.55 – 11.10 *Flavia Leotta, Martyna Molak: *KAMPOS: building bridges between archaeology and genetics with FAIR data management*

11.10 – 11.30 Irka Hajdas: *Datowanie radiowęglowe kości i jego znaczenie w badaniach środowiska*

11.30 – 11.50 Anna Wereszczuk, Luke E. Meade, Stephan Lautenschlager, Karol Zub, Andrzej Zalewski: *Drapieżniki w antropocenie: wstępne wyniki badań zmian kształtu czaszki łasicowatych w czasie*

11.50 – 12.10 Danijela Popović, Sonja Vuković, Vesna Dimitrijević, Ivana Živaljević, Nemanja Marković, Adrian Bălăşescu, Ana García-Vázquez, Nadezhda Karastoyanova, Magdalena Krajcarz, Maciej T. Krajcarz, Mateusz Baca, Mihajla Djan, Duško Ćirović: *Paleogenomic insights into the past and future of Balkan brown bears*

12.10 – 12.30 Natalia Sawka-Gądek, Nina Kowalik, Lembi Lõugas, Piotr Wojtal: *Wypełniając lukę: nowe mitogenomy fok szarych i fok grenlandzkich z południowego i wschodniego Bałtyku*

12.30 – 12.50 Claudio Berto, E. Luzi, M. Baca, K. Balakrishnan, B. Bujalska, A. Lemanik, A. Nadachowski, M. Kot: *The Late Pleistocene small mammal sequence of Raj Cave (Świętokrzyskie Mountains, Poland): new paleontological, ancient DNA, and paleoenvironmental evidence*

12.50 – 13.50  Przerwa obiadowa/ Lunch break

VI sesja referatowa/oral presentation session: 13.50 – 15.30

13.50 – 14.10 Mateusz Baca, Barbara Bujalska, Danijela Popović, Grégory Abrams, Kévin Di Modica, Stéphane Pirson, Ahmad Mahmoudi, Boris Kryštufek, Adam Nadachowski: *Genomy kopalnych i współczesnych norników wskazują na reorganizację zespołów gryzoni wywołaną przez ostatni interglacjał*

14.10 – 14.30 Marcin Szymanek, Claudio Berto, Małgorzata Kot: *Zespoły fauny w osadach Jaskini pod Oknem, Wyżyna Krakowsko-Częstochowska*

14.30 – 14.50 Adam Nadachowski: *Jaskinia Oblazowa: zaktualizowana chronologia i kontekst paleośrodowiskowy*

14.50 – 15.10 Witold Paweł Alexandrowicz: *Malakofauna osadów późnego Holocenu jako wskaźnik rozwoju osadnictwa na terenie Podhala*

15.10 – 15.20 Sesja posterowa/Poster session

15.20 – 15.30 Rozstrzygnięcie konkursu na najlepszy referat studencki/ Results of the competition for the best student oral presentation

15.30 - 15.50 Dyskusja i zamknięcie konferencji/ Discussion and closing ceremony

18.00-19.30:  Spacer na rykowisko jeleni na Polanie Białowieskiej/ Walk to deer rutting ground on the Białowieża Glade

**Referaty biorące udział w konkursie na najlepszą prezentację ustną w kategorii studenci i doktoranci/ Oral presentations entered in the competition for the best oral presentation in the undergraduates and PhD students category*

Referaty/Oral presentations

Malakofauna osadów późnego holocenu jako wskaźnik rozwoju osadnictwa na terenie Podhala

Witold Paweł Alexandrowicz[#]

AGH Akademia Górniczo-Hutnicza w Krakowie, Wydział Geologii, Geofizyki i Ochrony Środowiska, Katedra Geologii Podstawowej i Geoturystyki; Al. A. Mickiewicza 30; 30-059 Kraków; e mail: wpalex@agh.edu.pl

Antropopresja to działania człowieka mające wpływ na środowisko. Jednym z najważniejszych przejawów antropopresji jest wylesianie. Prowadzi ono do zastępowania pierwotnych siedlisk leśnych otwartymi środowiskami łąkowymi i polami uprawnymi. Antropogeniczne wylesienia przebiegają szybko i gwałtownie, prowadząc do zmian w faunie i florze. Analiza malakologiczna pozwala na określenie zarówno czasu, jak i przebiegu deforestacji. Obszar Podhala stanowi dogodny teren do prowadzenia takich badań. Sprzyjają temu łatwo dostępne dane historyczne oraz liczne stanowiska osadów późnego holocenu zawierające malakofaunę. Bogata malakofauna znaleziona na 44 stanowiskach obejmowała 89 gatunków i ponad 20 000 okazów. Pozycja stratygraficzna osadów została określona na podstawie datowania ¹⁴C (29 dat). Wydzielono trzy typy fauny: F-FAUNA o dominacji gatunków cieniolutnych, O-FAUNA o przewadze taksonów środowisk otwartych oraz M-FAUNA o dużym udziale gatunków mezofilnych. Następstwa zespołów w profilach pozwoliły zdefiniować trzy typy sukcesji. Sukcesja F – F – dominacja gatunków leśnych utrzymuje się w całym profilu. Sukcesja F – O – odcinkach spągowych przeważają taksony ceniolutne, a w stropowych ślimaki środowisk otwartych. Sukcesja F-O-F(M)-O charakteryzuje się obecnością dwóch interwałów o dużym udziale taksonów cieniolutnych oraz dwóch o przewadze ślimaków środowisk otwartych. Zespoły mięczaków wskazują na istnienie faz zmian środowiska. Faza I - do XIII wieku – okres słabego natężenia osadnictwa – brak śladów antropopresji. Faza II – XIII–XV wieków to okres ciepłego klimatu (MWP) i nasilonego osadnictwa. Wylesienia objęły płaską, północną część Podhala oraz szerokie doliny w obrębie Pienin. Zaznacza się zmiana cech malakocenoz: F-FAUNA zostaje zastąpiona przez O-FAUNA. Na terenach o urozmaiconej rzeźbie antropopresja zaznacza się słabiej. Faza III - XVI wiek - pierwsza połowa XIX wieku to okres ochłodzenia klimatu (MEL). Na terenie Podhala i Pienin zauważa się depopulację oraz osłabienie wpływu człowieka. Następuje powrót lasów, a wraz z nimi bogatszych malakocenoz z gatunkami cieniolutnymi. Faza IV – druga połowa XIX wieku – to dziś okres postępującego ocieplenia i gwałtownego wzrostu liczby ludności. Silna antropopresja jest odczuwalna na całym obszarze. Naturalny leśny charakter zachowują tylko obszary o szczególnie niekorzystnych warunkach terenowych.

Finansowanie: Program „Inicjatywa Doskonałości – Uczelnia Badawcza” (IDUB) w Akademii Górniczo-Hutniczej w Krakowie.

Malacofauna of Late Holocene deposits as an indicator of settlement development in the Podhale region

Witold Paweł Alexandrowicz

AGH University of Science and Technology, Faculty of Geology, Geophysics and Environmental Protection, Department of Basic Geology and Geotourism; Al. A. Mickiewicza 30; 30-059 Kraków; email: wpalex@agh.edu.pl

Anthropogenic impact refers to human activities that impact the environment. One of the most important manifestations of anthropogenic impact is deforestation. It leads to the replacement of primary forest habitats with open meadow environments and agricultural fields. Anthropogenic deforestation occurs rapidly and dramatically, leading to changes in fauna and flora. Malacological analysis allows determination of both the timing and the course of deforestation. The Podhale region provides a favourable environment for such research. Easily accessible historical data and numerous sites of late Holocene sediments containing malacofauna facilitate this. The abundant malacofauna found at 44 sites included 89 species and over 20,000 specimens. The stratigraphic position of the sediments was determined based on ¹⁴C dating (29 dates). Three faunal types were identified: F-FAUNA, dominated by shade-loving species; O-FAUNA, dominated by open habitat taxa; and M-FAUNA, dominated by mesophilic species. The sequence of assemblages in the profiles allowed the definition of three succession types. The F-F succession—the dominance of forest species persists throughout the profile. The F-O succession—shade-loving taxa predominate in the bottom sections, while open-habitat snails predominate in the top sections. The F-O-F(M)-O succession is characterised by the presence of two intervals with a high proportion of shade-loving taxa and two with a predominance of open-habitat snails. Mollusc assemblages indicate phases of environmental change. Phase I – until the 13th century – a period of low settlement intensity – no signs of human impact. Phase II – the 13th–15th centuries – is a period of warm climate (MWP) and intensified settlement. Deforestation affected the flat, northern part of Podhale and the wide valleys within the Pieniny Mountains. A change in the characteristics of the malacocenoses is noticeable: F-FAUNA is replaced by O-FAUNA. In areas with varied relief, anthropopressure is less pronounced. Phase III – the 16th century – the first half of the 19th century – is a period of climatic cooling (MEL). Depopulation and a reduction in human impact are evident in Podhale and the Pieniny Mountains. Forests return, and with them, richer malacocenoses with shade-loving species. Phase IV – the second half of the 19th century – is a period of progressive warming and rapid population growth. Strong anthropogenic pressure is felt throughout the region. Only areas with particularly unfavourable terrain retain their natural forest character.

Funding: "Excellence Initiative – Research University" (IDUB) program at AGH University of Science and Technology in Kraków.

Genomy kopalnych i współczesnych norników wskazują na reorganizację zespołów gryzoni wywołaną przez ostatni interglacjał

Mateusz Baca¹, Barbara Bujalska¹, Danijela Popović¹, Grégory Abrams^{2, 3}, Kévin Di Modica³, Stéphane Pirson^{4, 5}, Ahmad Mahmoudi⁶, Boris Kryštufek^{7, 8}, Adam Nadachowski⁹

W ostatnich latach badania genetyczne wskazują, że zmiany klimatyczne i środowiskowe zachodzące podczas dwóch ostatnich interglacjałów (morskie stadia izotopowe, MIS 7 i MIS 5) odgrywały istotną rolę w dywersyfikacji oraz dynamice populacji gryzoni przystosowanych do życia w środowiskach otwartych. Historie demograficzne wielu z tych gatunków podczas ostatniego zlodowacenia (117–11,7 tys. lat temu, ka) są stosunkowo dobrze poznane, jednak brak danych genetycznych z okazów starszych niż ostatni interglacjał (MIS 5) utrudnia ocenę jego rzeczywistego wpływu na skład i strukturę zespołów gryzoni.

Prezentujemy genomy mitochondrialne i jądrowe uzyskane ze szczątków norników pochodzących ze środkowo plejstocénskich warstw jaskini Scladina w Belgii. Na podstawie cech morfologicznych szczątki te zostały zidentyfikowane jako należące do nornika zwyczajnego (*Microtus arvalis*) oraz nornika północnego (*Alexandromys oeconomicus*), gatunków typowych dla europejskich zespołów gryzoni okresów glacialnych. Analizy genetyczne wykazały jednak, że okazy te należały odpowiednio do nornika kazachskiego (*M. ilaeus*) i nornika wschodniego (*A. fortis*), gatunków występujących obecnie w Azji Centralnej i Wschodniej. Wyniki te wskazują, że w środkowym plejstocenie zasięgi obu gatunków były znacznie większe niż współcześnie.

W przypadku nornika kazachskiego interpretację tę dodatkowo wspiera rekonstrukcja efektywnej wielkości populacji, wskazująca na znacznie większą liczebność populacji w środkowym niż w późnym plejstocenie. Podobne zmiany efektywnej wielkości populacji zaobserwowaliśmy również u szeregu innych gatunków norników o obecnie stosunkowo ograniczonych zasięgach, takich jak *M. kermanensis*, *M. transcaspicus*, *M. paradoxus* i *M. guentheri*. Sugeruje to, że zespoły gryzoni środowisk otwartych w środkowym plejstocenie znacząco różniły się pod względem składu gatunkowego od zespołów późnoplejstocénskich, a ostatni interglacjał mógł doprowadzić do istotnej reorganizacji europejskich zespołów gryzoni związanych z siedliskami otwartymi.

Słowa kluczowe:

Kopalny DNA, środkowy plejstocen, norniki, dynamika zasięgów, interglacjały

Ancient and modern vole genomes hint at the reorganization of small mammal communities triggered by the Last Interglacial Period

Mateusz Baca¹, Barbara Bujalska¹, Danijela Popović¹, Grégory Abrams^{2, 3}, Kévin Di Modica³, Stéphane Pirson^{4, 5}, Ahmad Mahmoudi⁶, Boris Kryštufek^{7, 8}, Adam Nadachowski⁹

¹ Centre of New Technologies, University of Warsaw, Warsaw, Poland.

m.baca@cent.uw.edu.pl; b.bujalska@cent.uw.edu.pl; d.popovic@cent.uw.edu.pl

² ArcheOs, Research Laboratory for Biological Anthropology, Department of Archaeology, Ghent University, Belgium. gregory.abrams@ugent.be

³ Scladina Cave Archaeological Centre, Espace muséal d'Andenne, Andenne, Belgium. kevin.dimodica@ema.museum

⁴ Direction scientifique et technique, Agence wallonne du Patrimoine, Namur, 5000, Belgium. stephane.pirson@awap.be

⁵ Department of Geology and European Archaeometry Centre, University of Liège, Liège, 4000, Belgium.

⁶ Department of Biology, Faculty of Science, Urmia University, Urmia, Iran. ahmad.mahmoodi1985@gmail.com

⁷ Slovenian Museum of Natural History, Ljubljana, Slovenia. bkrystufek@pms-lj.sina

⁸ Science and Research Centre, Koper, Slovenia

⁹ Institute of Systematics and Evolution of Animals, Polish Academy of Science, Krakow, Poland nadachowski@isez.pan.krakow.pl

Recent studies have shown that warm interglacial periods, such as those during Marine Isotope Stages 7 and 5, were the main drivers of speciation and population dynamics in open-habitat small mammals. While genetic data on rodents from the Last Glaciation (115–11.7 thousand years ago) are relatively abundant, no comparable data from rodent remains predating the Last Interglacial are currently available, limiting our understanding of rodent communities of the penultimate glaciation. Here, we present mitochondrial and nuclear genome data from vole remains recovered from the Middle Pleistocene layers of the Scladina Cave (Andenne, Belgium) archaeological and paleontological site. Although initially identified morphologically as common voles (*Microtus arvalis*) and root voles (*Alexandromys oeconomicus*), typical representatives of Last Glacial rodent assemblages, phylogenetic analyses revealed that the specimens belonged to the Kazakh vole (*M. ilaeus*) and the reed vole (*A. fortis*), species now restricted to Central and Southeast Asia, respectively. Their presence indicates that the geographic ranges of these taxa were substantially broader during the Middle Pleistocene. For *M. ilaeus*, this inference is further supported by effective population size reconstructions based on modern genome, which indicate a much higher effective population size during the penultimate glaciation. Our analyses revealed similar demographic patterns in other vole species with currently restricted distributions, including *M. kermanensis*, *M. transcaspicus*, *M. paradoxus*, and *M. guentheri*. Together, these results suggest that Middle Pleistocene rodent communities differed markedly from those of the Last Glaciation and underwent profound reorganisation during the Last Interglacial.

Keywords:

Ancient DNA, Middle Pleistocene, *Microtus*, range dynamics, interglacials

The Late Pleistocene small mammal sequence of Raj Cave (Świętokrzyskie Mountains, Poland): new paleontological, ancient DNA, and paleoenvironmental evidence

Claudio Berto¹, E. Luzi², M. Baca³, K. Balakrishnan³, B. Bujalska³, A. Lemanik⁴,
A. Nadachowski⁴, M. Kot³

¹*Faculty of Archaeology, University of Warsaw, Warsaw, Poland*

²*Institute for Archaeological Sciences, University of Tübingen, Tübingen, Germany*

³*Centre of New Technologies, University of Warsaw, Warsaw, Poland*

⁴*Institute of Systematics and Evolution of Animals, Polish Academy of Sciences, Cracow, Poland*

Raj Cave, located in the Świętokrzyskie Mountains of south-central Poland, represents a key archive for reconstructing the environmental and climatic history of a frontier region during the Late Pleistocene. Although the cave was first excavated in the 1960s, renewed investigations conducted in 2024 have re-examined the site, providing an opportunity to establish an improved chronological framework and generate new paleoecological insights. Particular attention has been devoted to the small mammal assemblage (rodents, insectivores, and bats).

The excavation of two new trenches yielded thousands of small vertebrate remains. Preliminary analyses identified 12,061 small mammal specimens, representing a minimum number of 3,325 individuals. The material was subdivided into 31 layers, including 12 from Trench 1 and 19 from Trench 2. The small mammal assemblages from the two sequences can be divided into four main groups: (a) the basal part of the sequences, characterized by low-MNI assemblages containing *Clethrionomys glareolus*, *Microtus arvalis*, *Lagurus lagurus*, and *Spermophilus citelloides*; (b) the lower part (Layers 4–6B in Trench 1 and Layers L–J1 in Trench 2), dominated by *Microtus arvalis* and *Sorex gr. araneus–caecutiens*; (c) the middle part (Layers 6A–9 in Trench 1 and Layers I2–H in Trench 2), dominated by *Stenocranius anglicus* and *Lemmus lemmus*; and (d) the upper part (Layers 10.I–10.III in Trench 1 and Layers E–D1 in Trench 2), in which *Lemmus lemmus* is replaced by *Dicrostonyx torquatus*. Rare species are also represented, including the Russian desman (*Desmana moschata*) from Layer J2, which constitutes only the second Late Pleistocene record of the species in Poland after that from Komarowa Cave, and the great jerboa (*Allactaga major*), representing the third Polish record after those from Biśnik Cave and Komarowa Cave.

Ancient DNA analyses of ground squirrel remains revealed the presence of two species at Raj Cave: *Spermophilus citelloides*, closely related to *S. suslicus* and *S. odessanus*, in the lower layers, and the larger *S. superciliosus*, closely related to the extant *S. major*, in the upper layers. Mitochondrial DNA analyses were also performed on several arvicoline taxa, including *Microtus arvalis*, *Stenocranius anglicus*, and *Dicrostonyx torquatus*. The results indicate that the lower parts of the sequences (Layers 4–6 in Trench 1 and Layers L–I1 in Trench 2) were deposited between the end of Marine Isotope Stage 5 and the beginning of MIS 3, whereas the upper parts (Layers 8–10.III in Trench 1 and Layers H–D1 in Trench 2) date to the interval between the end of MIS 3 and the beginning of MIS 2. These age estimates are broadly consistent with the other independent chronological evidence.

Palaeoenvironmental and palaeoclimatic reconstructions indicate relatively mild conditions in the lower part of the sequence (Layers L–J), with temperate grasslands and boreal–temperate forests. A marked decrease in precipitation in Layer I produced conditions comparable to those of present-day Central Asia. Periglacial conditions prevailed from Layer H to D, evolving from a humid *Lemmus lemmus*-dominated tundra to a dry *Dicrostonyx torquatus*-dominated tundra. Although the cave entrance probably became sealed during the Late Pleistocene, Early Holocene small mammal remains, predominantly bats, occur in the uppermost layers beneath a stalagmitic crust.

Overall, the new multidisciplinary data considerably improve the chronological and palaeoenvironmental framework of Raj Cave and highlight its importance for reconstructing Late Pleistocene environmental and faunal changes in Central Europe.

Zapis izotopowy muszli ślimaków lądowych w świetle danych malakologicznych*

Izabela Cabała¹, Maciej T. Krajcarz², Marcin Szymanek³

¹ Uniwersytet Warszawski, Szkoła Doktorska Nauk Ścisłych i Przyrodniczych

² Instytut Nauk Geologicznych Polskiej Akademii Nauk

³ Uniwersytet Warszawski, Wydział Geologii

Stabilne izotopy tlenu i węgla w muszlach ślimaków lądowych są wykorzystywane w rekonstrukcjach paleośrodowiskowych od końca lat 70 XX w. Mimo, że metoda stosowana jest od dekad, interpretacja wartości $\delta^{18}\text{O}$ i $\delta^{13}\text{C}$ pozostaje złożona, ze względu na liczne czynniki kształtujące zapis izotopowy, w tym lokalne uwarunkowania środowiskowe, ekologię analizowanych gatunków oraz ich dietę. Celem badań było określenie, w jakim stopniu zapis $\delta^{18}\text{O}$ i $\delta^{13}\text{C}$ w muszlach ślimaków jest zgodny z rekonstrukcją zmian klimatyczno-środowiskowych opartą na wynikach wcześniej przeprowadzonej analizy malakologicznej.

Badania objęły dwa stanowiska jaskiniowe położone na Jurze Krakowsko-Częstochowskiej: Schronisko w Smoleniu III oraz Jaskinię nad Bramą Słupską. Zachowane w nich sekwencje osadowe obejmują okres od schyłku plejstocenu po holocen. Analizom poddano muszle pięciu gatunków ślimaków: *Laciniaria plicata*, *Isognomostoma isognomostomos*, *Gonyodiscus rotundatus*, *Discus ruderratus* oraz *Vallonia tenuilabris*. W zależności od dostępności materiału analizowano do pięciu muszli danego gatunku z każdej próbki. Uzyskany zapis wartości $\delta^{18}\text{O}$ i $\delta^{13}\text{C}$ porównano ze zmianami składu taksonomicznego i liczebności malakofauny oraz z wcześniejszymi rekonstrukcjami paleośrodowiskowymi obu stanowisk.

Pomimo dużego rozrzutu wartości izotopowych w analizowanych profilach możliwe było wyróżnienie trzech kolejnych okresów charakteryzujących się odmienną strukturą i dynamiką zapisu. Podział ten zweryfikowano za pomocą analiz wielowymiarowych uwzględniających zarówno zapis izotopowy jak i dane malakologiczne. Wyróżnione okresy różniły się pod względem łącznej struktury danych, jednak przejścia między nimi miały charakter stopniowy oraz nierównomierny. Główne kierunki zmian wartości izotopowych były zasadniczo zgodne z rekonstrukcjami opartymi na analizie malakologicznej oraz innych danych paleośrodowiskowych. Dodatkowo, zbieżny przebieg zmian $\delta^{18}\text{O}$ i $\delta^{13}\text{C}$ może świadczyć o dominującym wpływie czynników regionalnych, natomiast przeciwstawne kierunki zmian sugerują silniejszą kontrolę procesów lokalnych.

Istotnym ograniczeniem interpretacyjnym pozostają różnice międzygatunkowe. Każdy z analizowanych gatunków rejestrował częściowo odmienny zakres warunków, dlatego wykorzystanie muszli ślimaków lądowych w rekonstrukcjach wymaga szczegółowej znajomości ekologii badanego taksonu. Szczególnie perspektywiczny wydaje się *D. ruderratus*, licznie i stosunkowo regularnie występujący w obu sekwencjach. Jego obecność zarówno w zespołach zimnolubnych jak i ciepłolubnych umożliwia prześledzenie zmian zachodzących na granicy plejstocenu i holocenu.

Uzyskane wyniki wskazują, że zapis izotopowy jest zgodny z wynikami analizy malakologicznej. Obserwowane rozbieżności mogą odzwierciedlać lokalne uwarunkowania środowiskowe oraz zróżnicowaną reakcję poszczególnych gatunków na zachodzące zmiany. Interpretacja wartości $\delta^{18}\text{O}$ i $\delta^{13}\text{C}$ powinna zatem uwzględniać wyniki analizy malakologicznej, ekologię badanych taksonów oraz lokalny kontekst środowiskowy.

The isotopic record of land snail shells in the light of malacological data*

Izabela Cabala¹, Maciej T. Krajcarz², Marcin Szymanek³

¹ University of Warsaw, Doctoral School of Exact and Natural Sciences

² Polish Academy of Science, Institute of Geological Sciences

³ University of Warsaw, Faculty of Geology

Stable oxygen and carbon isotopes preserved in land snail shells have been used in palaeoenvironmental research since the late 1970s. Despite several decades of methodological development, the interpretation of $\delta^{18}\text{O}$ and $\delta^{13}\text{C}$ values remains complex because shell isotope values are influenced by numerous factors, including local environmental conditions, species ecology, and diet. The aim of this study is to assess the extent to which $\delta^{18}\text{O}$ and $\delta^{13}\text{C}$ records from land snail shells correspond to climatic and environmental changes reconstructed from previous malacological analyses.

The study was based on two cave sites in the Kraków–Częstochowa Upland: Shelter in Smoleń III and the Cave above the Słupska Gate. Their sedimentary sequences span the period from the end of the Pleistocene to the Holocene. The shells of five land snail species were analysed: *Laciniaria plicata*, *Isognomostoma isognomostomos*, *Gonyodiscus rotundatus*, *Discus ruderatus*, and *Vallonia tenuilabris*. Depending on material availability, up to five shells of each species were analysed from each sample. The resulting $\delta^{18}\text{O}$ and $\delta^{13}\text{C}$ records were compared with changes in the taxonomic composition and abundance of the malacofauna, as well as with earlier palaeoenvironmental reconstructions of both sites.

Despite the considerable dispersion of isotope values, three successive phases with distinct patterns and dynamics of isotopic variability could be identified in the analysed profiles. This division was evaluated using multivariate analyses that combine isotopic and malacological data. The three phases differed in the overall structure of the record, although the transitions between them were gradual and varied in their expression. The main trends in isotope values were broadly consistent with reconstructions based on malacological evidence and other palaeoenvironmental data. Parallel changes in $\delta^{18}\text{O}$ and $\delta^{13}\text{C}$ may reflect the influence of larger-scale environmental factors, while divergent trends are more likely to indicate stronger local or microenvironmental controls.

Species-specific differences remain an important limitation in the interpretation of shell isotope data. Each of the analysed taxa recorded a partly different range of environmental conditions, demonstrating that palaeoenvironmental interpretations require detailed knowledge of the ecology of the selected species. *Discus ruderatus* appears particularly promising because it occurs abundantly and relatively continuously in both sequences. Its presence in assemblages containing both cold-tolerant and thermophilous species makes it possible to trace environmental changes throughout the Pleistocene–Holocene transition.

Overall, the isotope record was broadly consistent with the malacological reconstruction. The observed discrepancies can provide additional information on local environmental conditions and species-specific responses to change. Interpretation of $\delta^{18}\text{O}$ and $\delta^{13}\text{C}$ values should therefore integrate malacological evidence, the ecological characteristics of the analysed taxa and the local environmental context.

**Aktywność hieny jaskiniowej *Crocota crocuta spelaea* (Goldfuss, 1823)
na stanowisku w Jaskini Biśnik***

Przemysław Czernek, Katarzyna Zarzecka-Szubińska, Adrian Marciszak, Krzysztof Stefaniak

*Zakład Paleozoologii, Wydział Nauk Biologicznych, Uniwersytet Wrocławski,
Wrocław, Polska;*

Jaskinia Biśnik jest jednym z najcenniejszych, plejstocentrycznych stanowisk archeologicznych w Polsce. Jednym z gatunków, którego szczątki odkryto w jej osadach, była hiena jaskiniowa. Hieny jaskiniowe są znane ze gryzenia oraz konsumpcji kości oraz wykorzystywania jaskiń jako magazynu pokarmu oraz legowiska. Celem tej pracy było znalezienie śladów takiej aktywności wśród szczątków pochodzących z stanowiska Jaskini Biśnik znajdujących się w posiadaniu Zakładu Paleozoologii Uniwersytetu Wrocławskiego. Przebadany został materiał kostny pochodzący z warstw geologicznych od 5 do 8, obejmujących okres od MIS 4 do drugiej połowy MIS 3. Ponad 10000 fragmentów kości zostało przebadanych metodą obserwacji makroskopowej. Znaleziono zostały liczne kości noszące ślady gryzenia oraz trawienia. Obecna była także duża ilość fragmentów koprolitów charakterystycznych dla hien. Stwierdzona została obecność licznych szczątków hien jaskiniowych, w tym młodych osobników. Ślady aktywności oraz szczątki hien obecne są w obrębie całego, badanego zakresu warstw co wskazuje na długotrwałe użytkowanie jaskini przez hieny jaskiniowe jako magazynu żywności oraz legowisko. Obecność szczątków młodocianych hien pozwala przypuszczać, że Jaskinia Biśnik była w tym okresie wykorzystywana także jako miejsce porodu i wychowywania młodych.

**Activity of the cave hyena *Crocota crocuta spelaea* (Goldfuss, 1823)
at the site in the Biśnik Cave***

Przemysław Czernek, Katarzyna Zarzecka-Szubińska, Adrian Marciszak, Krzysztof Stefaniak

Biśnik Cave is one of most important, Pleistocene archeological sites in Poland. One of the species, which was found in its sediments, was a cave hyena. Cave hyenas are known for biting through bones and their consumption and for using caves as food storages and dens. This paper sought to find signs of such activities among remains from Biśnik Cave site, which are in possession of Department of Paleozoology of University of Wrocław. Researched material came from geological layers 5 to 8, which cover period from MIS 4 to second half of MIS 3. Over 10000 bone fragments were examined using macroscopic analysis method. Presence of multiple bone fragments bearing bite and digestion marks was found. Large amount of coprolite fragments characteristic for hyenas was found as well. Presence of many cave hyena's remains, including juveniles, was confirmed. Signs of activity and remains of hyenas themselves are present throughout entire, researched time period, which points towards persistent use of the cave as a food storage and den by cave hyenas. Remains belonging to juvenile hyenas allow to suspect, that Biśnik Cave during that time period was used as place of birth and raising of cubs.

Historia ewolucji gatunków z podrodzaju *Terricola*, zrekonstruowana na podstawie współczesnych i kopalnych genomów jądrowych i mitochondrialnych*

Gabriela Damentka¹, Barbara Bujalska¹, Claudio Berto², Grégory Abrams^{3,4}, Kevin Di Modica⁴, Lutz Maul⁵, Marco Peresani⁶, Alexander Bukhnikashvili⁷, Vasil Popov⁸, Elisa Luci⁹, Mateusz Baca¹

¹ Uniwersytet Warszawski, Centrum Nowych Technologii, Warszawa, Polska

² Uniwersytet Warszawski, Wydział Archeologii, Warszawa, Polska

³ ArcheOs, Research Laboratory for Biological Anthropology, Ghent Archaeological Sciences Centre, Department of Archaeology, Ghent University, 9000 Ghent, Belgium

⁴ Scladina Cave Archaeological Centre, Espace museal d'Andenne, 5300 Andenne, Belgium

⁵ Senckenberg Research Station of Quaternary Palaeontology, Weimar, Germany

⁶ Dipartimento di Studi Umanistici, Sezione di Scienze Preistoriche e Antropologiche, Università di Ferrara, 44100, Ferrara, Italy

⁷ Institute of Zoology, Ilia State University, K. Cholokashvili ave. 3/5, Tbilisi, Georgia

⁸ Institute of Biodiversity and Ecosystem Research, Bulgarian Academy of Sciences, Sophia, Bulgaria

⁹ Institute for Archaeological Sciences, University of Tübingen, Tübingen, Germany

Późny Plejstocen charakteryzował się dynamicznymi i często gwałtownymi wahaniami klimatu, obejmującymi cykliczne przejścia między okresami stadialnymi i interstadialnymi. Zmiany te wywarły istotny wpływ na rozmieszczenie oraz liczebność wielu gatunków, w tym małych ssaków. Przekształcenia środowiskowe prowadziły do migracji, kolonizacji nowych obszarów lub lokalnego wymierania populacji, co wpływało również na ich strukturę i zmienność genetyczną. Norniki stanowią szczególnie dobry model do tego typu badań, ponieważ są liczne, mają krótki czas generacji, wąską tolerancję ekologiczną oraz szybko reagują demograficznie na zmiany klimatyczne. Dodatkowo ich szczątki są powszechnie znajdowane na stanowiskach paleontologicznych, co umożliwia porównanie materiału kopalnego ze współczesnym.

Celem projektu jest rekonstrukcja wybranych elementów historii ewolucyjnej gatunków podrodzaju *Terricola* (rodzaj *Microtus*) w Europie Południowej od Późnego Plejstocenu do wczesnego Holocenu na podstawie analiz DNA pozyskanego z próbek kopalnych i współczesnych. Wcześniejsze badania innych gatunków małych ssaków, takich jak *Microtus arvalis* czy *Dicrostonyx torquatus*, wykazały znaczne zmiany populacyjne związane z wahaniami klimatu w ciągu ostatnich 50 tysięcy lat. Naszym celem jest sprawdzenie, czy podobne procesy zachodziły również w populacjach *Terricola* zamieszkujących południową część kontynentu.

Analizy mitochondrialnego DNA próbek pochodzących ze stanowisk późnoplejstocenijskich Europy Środkowej i Zachodniej wskazują na obecność gatunków, których współczesny zasięg ogranicza się obecnie do obszarów Europy Południowej. Sugeruje to, że zmiany klimatyczne Późnego Plejstocenu miały istotny wpływ na rozmieszczenie przedstawicieli tego podrodzaju. Rekonstrukcja historii demograficznej tych gatunków, oparta na szacowaniu zmian efektywnej liczebności populacji w czasie metodą Pairwise Sequentially Markovian Coalescent (PSMC) z wykorzystaniem genomów jądrowych współczesnych osobników, odpowiada obserwowanym zmianom ich zasięgu geograficznego.

The evolutionary history of species from the subgenus *Terricola*, reconstructed on the basis of modern and ancient nuclear and mitochondrial genomes*

Gabriela Damentka¹, Barbara Bujalska¹, Claudio Berto², Grégory Abrams^{3,4}, Kevin Di Modica⁴, Lutz Maul⁵, Marco Peresani⁶, Alexander Bukhnikashvili⁷, Vasil Popov⁸, Elisa Luci⁹, Mateusz Baca¹

¹ *University of Warsaw, Centre for New Technologies, Warsaw, Poland*

² *University of Warsaw, Faculty of Archaeology, Warsaw, Poland*

³ *ArcheOs, Research Laboratory for Biological Anthropology, Ghent Archaeological Sciences Centre, Department of Archaeology, Ghent University, 9000 Ghent, Belgium*

⁴ *Scladina Cave Archaeological Centre, Espace muséal d'Andenne, 5300 Andenne, Belgium*

⁵ *Senckenberg Research Station of Quaternary Palaeontology, Weimar, Germany*

⁶ *Dipartimento di Studi Umanistici, Sezione di Scienze Preistoriche e Antropologiche, Università di Ferrara, 44100, Ferrara, Italy*

⁷ *Institute of Zoology, Ilia State University, K. Cholokashvili ave. 3/5, Tbilisi, Georgia*

⁸ *Institute of Biodiversity and Ecosystem Research, Bulgarian Academy of Sciences, Sophia, Bulgaria*

⁹ *Institute for Archaeological Sciences, University of Tübingen, Tübingen, Germany*

The Late Pleistocene was characterized by dynamic, often sudden, climate fluctuations, including cyclical transitions between stadial and interstadial phases. These changes significantly affected the distribution and abundance of many species, including small mammals. Environmental transformations forced migrations, colonization of new areas, or local population extinctions, which also affected the population structure and the variability of their genomes. Voles are a particularly good model for this type of research because they are numerous, have a short generation time, a narrow ecological tolerance, and a rapid demographic response to climate change. In addition, their remains are commonly found in paleontological sites, allowing subfossil material to be compared with modern ones.

The project aims to reconstruct selected elements of the evolutionary history of species of the subgenus *Terricola* (genus *Microtus*) in Southern Europe, from the Late Pleistocene to the early Holocene, through the analysis of DNA obtained from subfossil and modern samples. Previous studies conducted on other small mammal species, like *Microtus arvalis* and *Dicrostonyx torquatus*, have shown large population changes in response to climate change over the last 50,000 years. Our goal is to verify whether similar processes occurred in *Terricola* populations inhabiting the south of the continent.

Mitochondrial DNA analyses of samples from Late Pleistocene sites in Central and Western Europe indicate the presence of species whose current range is limited to areas of Southern Europe. This suggests that climate change during the Late Pleistocene had a significant impact on the distribution of this subgenus. Reconstruction the demographic history of these species by estimating changes in effective population size over time using the Pairwise Sequentially Markovian Coalescent (PSMC) method on the nuclear genomes of modern individuals, corresponds to the observed pattern of range changes.

Zachodni Bałtowie na tle przemian demograficznych Europy Środkowej w świetle badań archeogenomicznych*

Michał Golubiński^{1,2}, Barbara Bujalska¹, Kacper Martyka³, Izabela Mellin-Wyczółkowska⁴,
Martyna Molak¹, Łukasz Maurycy Stanaszek⁵, Zuzanna Wyczółkowska⁶, Mateusz Baca¹

¹ Centrum Nowych Technologii, Uniwersytet Warszawski, Warszawa, Polska,

² Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk, Poznań, Polska

³ Muzeum Warmii i Mazur, Olsztyn, Polska

⁴ Mazurska Pracownia Archeologiczna „Rudka”, Kętrzyn, Polska

⁵ Pracownia Antropologiczna, Państwowe Muzeum Archeologiczne, Warszawa, Polska

⁶ Wydział Archeologii, Uniwersytet Warszawski, Warszawa, Polska

Zachodni Bałtowie należą do jednej z najsłabiej scharakteryzowanych genetycznie populacji Europy Środkowej epoki żelaza i średniowiecza. Celem projektu była rekonstrukcja struktury genetycznej oraz dynamiki demograficznej społeczności zachodniobałtyjskich od okresu rzymskiego po wczesną nowożytność, ze szczególnym uwzględnieniem zmian przed i po podboju krzyżackim.

Analizie poddano materiał kostny pochodzący od ponad 130 osobników z cmentarzysk szkieletowych z obszaru północno-wschodniej Polski, datowanych od schyłku starożytności po XVII wiek. Przeprowadzono sekwencjonowanie całogenomowe o niskim pokryciu oraz ukierunkowane wzbogacanie markerów genomowych istotnych w analizach populacyjnych. W przypadku osobników płci męskiej wykonano rozszerzoną analizę chromosomu Y w celu precyzyjnej klasyfikacji haplogrup.

Populacja średniowieczna z Równiny Dolnej, utożsamiana z Prusami, wykazuje wyraźną ciągłość komponentu zachodniobałtyjskiego zarówno na poziomie autosomalnym, jak i w liniach ojcowskich. Wśród mężczyzn dominuje haplogrupa R1a-Z92, charakterystyczna dla populacji bałtyjskich, przy ograniczonym udziale linii typowych dla populacji germańskich i zachodnioeuropejskich. Z kolei populacja z Doby (schyłek średniowiecza–XVII wiek) cechuje się większym udziałem komponentów autosomalnych związanych z populacjami słowiańskimi i północno-zachodnioeuropejskimi oraz większą różnorodnością haplogrup chromosomu Y, co wskazuje na intensyfikację przepływu genów w późnym średniowieczu i okresie nowożytnym. Widoczny jest także znacznie mniejszy udział haplogrupy N1c, charakterystycznej m.in. dla wschodnich Bałtów.

Wyniki wskazują na względną stabilność zachodniobałtyjskiego substratu przed XIII wiekiem oraz wyraźną transformację struktury genetycznej po podboju krzyżackim, dostarczając nowych danych do badań nad etnogenezą Prusów i relacjami między Bałtami, Słowianami i ludnością napływową z północno-zachodniej Europy.

Badania są częścią projektu " Historia Bałtów z obszaru dzisiejszej północno-wschodniej Polski w epoce żelaza i średniowieczu na podstawie analiz kopalnego DNA" (2024/53/N/HS3/02353) finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki.

Datowanie radiowęglowe kości i jego znaczenie w badaniach środowiska

Irka Hajdas^{1,2}

¹*Ion Beam Physics, ETH, Zurich, Otto-Stern Weg 5, 8093 Zurich, Szwajcaria*

²*Ecotech-Complex, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, ul. Głęboka 39, 20-612 Lublin, Polska*

Pierwsza dekada zastosowań ^{14}C do określenia wieku (lata 50-te ostatniego wieku) zapoczątkowała bliska współpracę pomiędzy dyscyplinami, które w znacznym stopniu potrzebowały chronologii. Radiocarbon, pozwala na określenie wieku substancji zawierających węgiel, a granica metody 50 tys lat, predysponuje do zastosowań w badaniach archeologicznych i klimatycznych tego okresu. Ostatnie dekady przyniosły unowocześnienie metody pomiarowej (AMS) jak też rozszerzenie jej zastosowań (Hajdas i in., 2021). Wraz z miniaturyzacją i wyspecjalizowaniem instrumentów pomiarowych, wzrosła liczba analiz jakie pomagają w określeniu chronologii.

Datowanie kości ma zastosowanie głównie w archeologii, ale też w wielu dziedzinach badań historii środowiska naturalnego i.e., paleoklimatu, nisz ekologicznych, palaeodiet, badaniach genetycznych.

Przykłady zastosowań i przegląd metodycznych problemów i ich rozwiązań będą zaprezentowane.

Radiocarbon dating of bones and its significance in palaeo environmental research

Irka Hajdas^{1,2}

¹*Ion Beam Physics, ETH, Zurich, Otto-Stern Weg 5, 8093 Zurich, Szwajcaria*

²*Ecotech-Complex, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, ul. Głęboka 39, 20-612 Lublin, Polska*

The first decade of ^{14}C dating applications (the 1950s) initiated close collaboration among disciplines that relied heavily on chronological data. Radiocarbon dating enables the determination of the age of carbon-bearing substances, and the method's 50,000-year limit makes it particularly suitable for archaeological and climate research covering this timeframe. Recent decades have seen the modernization of measurement techniques (AMS) and an expansion of their applications (Hajdas et al., 2021). Alongside the miniaturization and specialization of measurement instruments, the number of analyses contributing to chronological determination has increased.

Bone dating is primarily used in archaeology but also plays a role in various fields of environmental history research, such as paleoclimatology, the study of ecological niches, paleodietary analysis, and genetic research.

Examples of applications, as well as an overview of methodological challenges and their solutions, will be presented.

Literatura/References:

Hajdas I, Ascough P, Garnett MH, Fallon SJ, Pearson CL, Quarta G, Spalding KL, Yamaguchi H, and Yoneda M. 2021. Radiocarbon dating. Nature Reviews Methods Primers 1: 62. doi: 10.1038/s43586-021-00058-7

Filogeografia blisko spokrewnionych gatunków saren *Capreolus capreolus* i *C. sibiricus* w Eurazji i zagadka ich hybrydyzacji

Bogumiła Jędrzejewska, Kamila Plis, Magdalena Niedziałkowska

Instytut Biologii Ssaków Polskiej Akademii Nauk (IBS PAN) w Białowieży

Geograficzny zasięg sarny europejskiej sięga od wybrzeży Atlantyku aż do zachodniej Rosji, gdzie na niewielkim obszarze w regionie Wołgi i Donu nakłada się na zasięg sarny syberyjskiej. Występowanie tego drugiego gatunku ciągnie się do wschodnich wybrzeży Pacyfiku. Choć duża różnica w wielkości ciała obydwu gatunków utrudnia ich krzyżowanie się, w Europie środkowo-wschodniej wykryto szeroką strefę introgresji mitochondrialnego DNA sarny syberyjskiej w populacji sarny europejskiej. W wiekach XIX i XX na obszarze Rosji, a następnie ZSRS częste były translokacje saren syberyjskich do Europy wschodniej w celu „poprawienia jakości trofeów” sarny.

Celem prezentowanych tu badań, opartych na analizie prób mtDNA blisko 3500 osobników obydwu blisko spokrewnionych gatunków, było: (1) określenie filogenetycznych relacji między- i wewnątrzgatunkowych, (2) poznanie ich zmienności genetycznej i przestrzennego rozmieszczenia kładów, (3) rozpoznanie strefy hybrydyzacji obu gatunków i próba określenia roli czynników naturalnych i roli człowieka (translokacje) w jej powstaniu. Badania, przeprowadzone przez kilkudziesięciu badaczy z Europy i Azji pod kierunkiem zespołu z IBS PAN w Białowieży, objęły niemal cały zasięg geograficzny obydwu gatunków saren.

Phylogeography of closely related roe deer species *Capreolus capreolus* and *C. sibiricus* in Eurasia and the mystery of their hybridisation

Bogumiła Jędrzejewska, Kamila Plis, Magdalena Niedziałkowska

Mammal Research Institute, Polish Academy of Sciences (MRI PAS) in Białowieża

The geographical range of the European roe deer extends from the Atlantic coast as far as western Russia, where, in a small area in the Volga and Don regions, it overlaps with the range of the Siberian roe deer. The range of the latter species extends to the eastern shores of the Pacific. Although the significant difference in body size between the two species makes interbreeding difficult, a broad zone of mitochondrial DNA introgression from the Siberian roe deer into the European roe deer population has been detected in Central and Eastern Europe. During the 19th and 20th centuries, in the territory of Russia and subsequently the USSR, it was common practice to translocate Siberian roe deer to Eastern Europe with the aim of ‘improving the quality of roe deer trophies’.

The aim of the research presented here, based on the analysis of mtDNA samples from nearly 3,500 individuals of both closely related sister species, was: (1) to determine the inter- and intraspecific phylogenetic relationships, (2) to investigate their genetic variability and the spatial distribution of clades, (3) to identify the hybridisation zone between the two species and to attempt to determine the role of natural factors and human activity (translocations) in its formation. The research, carried out by several dozen researchers from Europe and Asia under the leadership of a team from the Mammal Research Institute, Polish Academy of Sciences (MRI PAS) in Białowieża, covered almost the entire geographical range of both roe deer species.

**Wielki nieobecny? *Equus hydruntinus* Regalia, 1907 na ziemiach polskich
– studium przypadku z Jaskini w Dziadowej Skale***

Karol Karbowski^{1*}, Krzysztof Stefaniak¹, Jarosław Wilczyński², Urszula Ratajczak-Skrzatek¹

¹ Zakład Paleozoologii, Wydział Nauk Biologicznych, Uniwersytet Wrocławski, Wrocław, Polska;

² Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt, Polska Akademia Nauk, Kraków, Polska;

*karol.karbowski@phd.uwr.edu.pl

Europejski dziki osioł *Equus hydruntinus* Regalia, 1907 jest wymarłym przedstawicielem rodzaju *Equus* Linnaeus, 1758, szeroko rozpowszechnionym w Europie podczas ostatniego zlodowacenia (Boulbes i Asperen 2019). W przeciwieństwie do wielu innych przedstawicieli plejstoceńskiej megafauny gatunek ten przetrwał do holocenu, a lokalnie nawet do neolitu i epoki żelaza (Crees i Turvey 2014). Pomimo licznych stanowisk znanych z Europy Środkowej i Południowej występowanie tego gatunku na obszarze Polski pozostaje kwestią otwartą. Dotychczasowe doniesienia dotyczące występowania *E. hydruntinus* w Polsce obejmują m.in. rewizję materiałów kostnych z terenu Śląska przeprowadzoną przez Marciszaka i wsp. (2019), która nie potwierdziła wcześniejszych oznaczeń zaproponowanych przez Herra (1924) i Heinkego (1926). Z drugiej strony Forsten (2003) opisała izolowany górny przedtrzonowiec ze stanowiska Zarzeczewo jako należący do *E. hydruntinus*, natomiast Woldřich (1882) wspominał o obecności tego taksonu w Pieczarze Borsuczej (Jaskinia Borsucza), określając go jako przedstawiciela rodzaju *Asinus*. Żadna z dotychczasowych prac nie przedstawiła jednak materiału osteologicznego udokumentowanego w sposób umożliwiający niezależną weryfikację oznaczenia, z wykorzystaniem dokumentacji fotograficznej i analiz morfometrycznych. W związku z tym obecność *E. hydruntinus* na ziemiach polskich nadal pozostaje nierozstrzygnięta. Ponowna analiza materiału kostnego z Jaskini w Dziadowej Skale, przeprowadzona w celu weryfikacji wcześniejszych oznaczeń oraz oceny zmienności morfometrycznej rodzaju *Equus*, pozwoliła zidentyfikować fragment trzeciej kości śródstopia wykazujący cechy odbiegające od zakresu zmienności typowego dla *Equus ferus* Boddaert, 1785 – dominującego przedstawiciela rodzaju na obszarze późnoplejstoceńskiej Polski. Ocena morfologiczna oraz analiza morfometryczna wskazują na podobieństwo badanego okazu do materiałów porównawczych przypisywanych *E. hydruntinus*. Celem wystąpienia jest przedstawienie argumentów przemawiających za oznaczeniem analizowanego okazu jako *E. hydruntinus* oraz omówienie znaczenia tego znaleziska dla rekonstrukcji rozmieszczenia gatunku w Europie Środkowej. Jeżeli przedstawiona interpretacja zostanie potwierdzona, analizowany okaz będzie stanowił pierwszy dobrze udokumentowany dowód obecności *E. hydruntinus* na terenie Polski.

**The great absentee? *Equus hydruntinus* Regalia, 1907 in Poland
– a case study from the Cave in Dziadowa Skala***

Karol Karbowski^{1*}, Krzysztof Stefaniak¹, Jarosław Wilczyński², Urszula Ratajczak-Skrzatek¹

¹Department of Palaeozoology, Faculty of Biological Sciences, University of Wrocław, Wrocław, Poland

The European wild ass, *Equus hydruntinus* Regalia, 1907, was an extinct member of the genus *Equus* Linnaeus, 1758, widely distributed across Europe during the Last Glacial period (Boulbes & Van Asperen, 2019). Unlike many other members of the Pleistocene megafauna, this species survived into the Holocene and remained locally present until the Neolithic and even the Iron Age (Crees & Turvey, 2014). Despite numerous records from Central and Southern Europe, the occurrence of this species in present-day Poland remains an open question. Previous reports on the occurrence of *E. hydruntinus* in Poland include the revision of osteological material from Silesia conducted by Marciszak et al. (2019), which did not confirm the earlier identifications proposed by Herr (1924) and Heinke (1926). On the other hand, Forsten (2003) identified an isolated upper premolar from Zarzeczewo as *E. hydruntinus*, while Woldřich (1882) reported this taxon from Pieczara Borsucza (Borsucza Cave), referring to it as a representative of the genus *Asinus*. However, none of these studies presented osteological material documented in a way that allows independent verification of the identification, using photographic documentation and morphometric analyses. Consequently, the occurrence of *E. hydruntinus* in Poland remains unresolved. A re-examination of the fossil material from the Cave in Dziadowa Skala, undertaken to verify previous identifications and examine morphometric variation within the genus *Equus*, resulted in the identification of an incomplete third metatarsal exhibiting morphological features outside the range of variation typical of *Equus ferus* Boddaert, 1785, the dominant equid species in Late Pleistocene Poland. Morphological assessment together with morphometric analyses indicates that the specimen is consistent with comparative material attributed to *E. hydruntinus*. The aim of this presentation is to present the evidence supporting the identification of the analysed specimen as *E. hydruntinus* and to discuss the significance of this find for reconstructing the species distribution in Central Europe. If this interpretation is confirmed, the specimen from the Cave in Dziadowa Skala will represent the first well-documented evidence of the presence of *E. hydruntinus* in Poland.

Literatura/References:

- Boulbes N., Van Asperen E.N. 2019. Biostratigraphy and palaeoecology of European *Equus*. *Frontiers in Ecology and Evolution* 7: 301. Boulbes N., Van Asperen E.N. 2019. Biostratigraphy and palaeoecology of European *Equus*. *Frontiers in Ecology and Evolution* 7: 301.
- Crees J.J., Turvey S.T. 2014. Holocene extinction dynamics of *Equus hydruntinus*, a late-surviving European megafaunal mammal. *Quaternary Science Reviews* 91: 16–29. <https://doi.org/10.1016/j.quascirev.2014.03.003>
- Forsten A. 2003. Horses (Equidae). In: Valde-Nowak P., Nadachowski A., Madeyska T. (eds.), *Oblazowa Cave: Human Activity, Stratigraphy and Palaeoenvironment*, pp. 130–131. Institute of Archaeology and Ethnology, Polish Academy of Sciences, Kraków.
- Heinke C. 1926. Diluviale und altalluviale Säugetierreste aus der Oberlausitz. *Abhandlungen der Naturforschenden Gesellschaft zu Görlitz* 29: 75–85.
- Herr O. 1924. Wildeselzahn aus dem Löss von Biesnitz. *Abhandlungen der Naturforschenden Gesellschaft zu Görlitz* 33: 132.
- Marciszak A., Kotowski A., Przybylski B., Badura J., Wiśniewski A., Stefaniak K. 2019. Large mammals from historical collections of open-air sites of Silesia (southern Poland) with special reference to carnivores and rhinoceros. *Historical Biology* 31(6): 696–730. <https://doi.org/10.1080/08912963.2017.1388377>
- Woldřich J.N. 1882. Beiträge zur Fauna der Breccien und anderer Diluvialgebilde Oesterreichs mit besonderer Berücksichtigung des Pferdes. *Jahrbuch der Kaiserlich-Königlichen Geologischen Reichsanstalt* 32(4): 435–447.

**Wpływ klimatu na dynamikę populacji dwóch gatunków norników
z rodzaju *Microtus* w Karpatach Zachodnich: badania kopalnego DNA***

Alicja Anna Kaźmierkiewicz¹, Betty Mouraud¹, Amelia Wolanin¹, Barbara Bujalska¹,
Michał Golubiński¹, Ivan Horáček², Anna Lemanik³, Adam Nadachowski³, Alexandru
Petculescu⁴, Joanna Stojak⁵, Mateusz Baca¹

¹Centrum Nowych Technologii, Uniwersytet Warszawski, Warszawa, Polska

²Katedra Zoologii, Uniwersytet Karola, Praga, Czechy

³Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt, Polska Akademia Nauk, Kraków, Polska

⁴Instytut Speleologii „Emil Racoviță”, Bukareszt, Rumunia

⁵Instytut Biologii Ssaków, Polska Akademia Nauk, Białowieża, Polska

Microtus arvalis i *Microtus agrestis* to szeroko rozpowszechnione w Europie gatunki gryzoni, stanowiące cenny model do badań reakcji małych ssaków na zmiany klimatyczne zachodzące w przeszłości. Kontynuując wcześniejsze badania, skupiliśmy się na odtworzeniu dynamiki populacji tych gatunków w okresie przejściowym między Późnym Plejstocenem a Holocenem w Karpatach Zachodnich. Wygenerowaliśmy 13 późnoplejstoceńskich i holoceńskich genomów o niskim pokryciu z kilku lokalizacji w Karpatach Zachodnich oraz 39 współczesnych genomów o średnim i wysokim pokryciu z Europy Środkowej, wszystkie zidentyfikowane jako *Microtus arvalis*. Dla *Microtus agrestis* uzyskaliśmy 10 współczesnych i 10 kopalnych genomów oraz 13 nowych sekwencji mitochondrialnego DNA. Wykazali, że wcześniej postulowane zastąpienie centralnej linii mtDNA *M. arvalis* przez linię wschodnią było w rzeczywistości procesem przepływu genów i mieszania się populacji w okresie Późnego Glacjału. Obecnie prowadzamy zaawansowane analizy demograficzne oparte na jądrowym DNA, aby zrekonstruować przebieg tego procesu i wyjaśnić, dlaczego do czasów współczesnych przetrwała jedynie linia wschodnia. W przypadku *M. agrestis* badamy, czy zmiany środowiskowe związane z Młodszym Dryasem doprowadziły do wyraźnego spadku liczebności populacji, czy też gatunek utrzymał stabilność dzięki swojej plastyczności ekologicznej i behawioralnej. Zaobserwowaliśmy spadek różnorodności mtDNA w tym okresie i obecnie modelujemy, jak ten sygnał przekłada się na zmiany demograficzne w oparciu o DNA jądrowe.

Climate-Driven Population Dynamics of Two *Microtus* Species in Western Carpathians: Insight from Ancient DNA*

Alicja Anna Kaźmierkiewicz¹ , Betty Mouraud¹ , Amelia Wolanin¹ , Barbara Bujalska¹ ,
Michał Golubiński¹ , Ivan Horáček² , Anna Lemanik³ , Adam Nadachowski³ , Alexandru
Petculescu⁴ , Joanna Stojak⁵ , Mateusz Baca¹

Microtus arvalis and *Microtus agrestis* are rodent species widespread in Europe present and past. Building on prior research, our study seeks to clarify unresolved aspects of the population dynamics of these taxa at the Late Pleistocene to Holocene transition in the Western Carpathians. We generated 13 Late Pleistocene and Holocene low coverage genomes from paleontological sites across the Western Carpathians, and 39 mid- to high- coverage modern genomes from Central Europe, all identified as *Microtus arvalis*. For *Microtus agrestis* we generated 10 modern and 10 ancient genomes, plus 13 new mtDNA sequences. We found that what was previously interpreted as a simple replacement of the Central *M. arvalis* mtDNA lineage by the Eastern lineage in fact involved admixture of these two populations during the Late Glacial. We are now modelling the parameters of this process to understand how only one lineage persisted in the region until the present day. For *M. agrestis*, we are investigating whether it experienced a substantial population decline during the Younger Dryas, or whether it was buffered from its effects by ecological or behavioural plasticity. We detected a loss of mtDNA diversity around that time and are now modelling how this signal translates into demographic change.

Rekonstrukcja formowania szkliwa i diety młodocianego mamuta włochatego (*Mammuthus primigenius*) w oparciu o analizy histologiczne i mikrostarcia

Nina Kowalik¹, Oliwia Oszczepalińska¹ and Florent Rivals^{2,3,4}

¹ Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt Polskiej Akademii Nauk, ul. Sławkowska 17, 31-016 Kraków, Polska

² Institut Català de Paleoecologia Humana i Evolució Social (IPHES-CERCA), Zona Educacional 4, Campus Sescelades URV (Edifici W3), 43007 Tarragona. Spain

³ Universitat Rovira i Virgili, Departament d'Història i Història de l'Art, Avinguda de Catalunya 35, 43002 Tarragona, Spain

⁴ ICREA, Pg. Lluís Companys 23, 08010 Barcelona, Spain

e-mail: kowalik@isez.pan.krakow.pl, oszczepalinska@isez.pan.krakow.pl

Tkanki budujące zęby zapisują szczegółowe informacje o rozwoju i ekologii osobnika. Uzębienie trąbowców, charakteryzujące się poziomą wymianą zębów trzonowych, która, obejmuje sześć generacji oraz długotrwałym formowaniem szkliwa. Pozwala to śledzić zmiany nawyków żywieniowych i mechanizmy tworzenia tego biologicznego archiwum na różnych etapach ontogenezy. W badaniu łączymy analizy histologiczne oraz starcia (*mesowear*) i mikrostarcia (*microwear*) szkliwa w celu rekonstrukcji procesu jego powstawania i odtworzenia diety. Analizowany materiał pochodzi z graweckiego stanowiska Kraków Spadzista, gdzie zdeponowane zostały szczątki kostne osobników mamuta włochatego (*Mammuthus primigenius*) w różnym wieku. Do badania wybrano okazy reprezentujące wczesne generacje zębów (dp2, dp3, dp4). Celem jest poznanie przebiegu procesu mineralizacji szkliwa (*amelogenezy*) w zębach wzrastających na wczesnych etapach życia i porównanie ich z trzonowcami dorosłych osobników. Analiza *mesowear* odzwierciedla długoterminową dietę, podczas gdy *microwear* ukazuje nawyki pokarmowe z ostatnich dni przed śmiercią (efekt „ostatniej wieczerzy”). Obserwacje prowadzono na odlewach powierzchni żującej wykonanych z żywicy epoksydowej w świetle przechodzącym i w szlifach petrograficznych wykonanych z płytki zębowej. Zaobserwowano, że kąt między pryzmatami a połączeniem szkliwo-zębina jest spójny wzdłuż badanych zębów. Szkliwo promieniowe (ang. *radial enamel*) i trójwymiarowe (3D), obecne również w zębach dorosłych osobników, wskazuje, że są to wspólne parametry strukturalne badanych generacji. U podstawy płytek zębowych zaobserwowano zmiany wtórne (*post-mortem*), sugerujące słabszą mineralizację tej strefy. Badania pozwoliły na wgląd w dietę osobników młodocianych, poszerzając wiedzę o ontogenezie i paleoekologii wymarłych trąbowców.

Reconstruction of enamel formation and diet of a juvenile woolly mammoth (*Mammuthus primigenius*) based on histological and microwear analyses

Nina Kowalik¹, Oliwia Oszczepalińska¹ and Florent Rivals^{2,3,4}

Dental tissues record detailed information about the development and ecology of an individual. Proboscidean dentition, characterized by horizontal molar replacement involving six generations and prolonged enamel formation, allows us to track changes in dietary habits and the mechanisms of forming this biological archive across different stages of ontogeny. In this study, we combine histological analyses with enamel mesowear and microwear analyses to reconstruct its formation process and deduce the diet. The analyzed material originates from the Gravettian site Kraków Spadzista, where skeletal remains of woolly mammoth (*Mammuthus primigenius*) individuals of various ages were deposited. Specimens representing early tooth generations (dp2, dp3, dp4) were selected for the study. The aim is to understand the enamel formation process (amelogenesis) in molars from early generations and compare them with the molars of adult individuals. Mesowear analysis reflects long-term diet, while microwear reveals habits from the last days before death (the "last supper" effect). Observations were conducted in transmitted light on epoxy resin casts of the occlusal surface and in petrographic thin sections prepared from a dental plate. It was observed that the angle between the enamel prisms and the enamel-dentine junction is consistent along the examined teeth. Radial enamel and 3D enamel, also present in adult individuals' teeth, indicate that these are common structural parameters in studied generations. Post-mortem changes were observed at the base of the dental plates, suggesting weaker mineralization of this zone. The research allowed for the reconstruction of the specific diet of juvenile individuals, broadening the knowledge about the ontogeny and paleoecology of extinct proboscideans.

The carbon stable isotope canopy effect extends beyond the edges of temperate forest

Rafał Kowalczyk¹, Dorothée G. Drucker^{2,3}, Tomasz Borowik¹, Emilia Hofman-Kamińska¹,
Tomasz Kamiński¹, Hervé Bocherens^{2,3}, Maciej T. Krajcarz^{4,2}

¹*Mammal Research Institute, Polish Academy of Sciences, Białowieża, Poland*

²*Department of Geosciences, Biogeology, University of Tübingen, Germany*

³*Senckenberg Center for Human Evolution and Paleoenvironment (HEP),
University of Tübingen, Germany*

⁴*Institute of Geological Sciences, Polish Academy of Sciences, Warsaw, Poland*

The canopy effect – the depletion of ^{13}C isotope in plants under closed canopies – is a crucial phenomenon for interpreting stable isotope data in ecological and palaeoecological studies of herbivore foraging behavior. However, the horizontal extent of this effect near forest boundaries remained poorly understood. We investigated the distribution of the canopy effect across a gradient from dense forest to open areas in and around the Białowieża Primeval Forest through analysis of $\delta^{13}\text{C}$ values in 10 plant species commonly foraged by large herbivores. Our results demonstrate a significant canopy effect in the Białowieża Forest. Importantly, we found that the canopy effect extends substantially beyond forest edges, significantly affecting plants within approximately 200 meters of dense forest, likely due to lateral dispersal of ^{13}C -depleted CO_2 . To quantify this phenomenon, we propose the parameter "Canopy Impact Distance", representing the zone around dense canopies where the canopy effect remains measurable. These findings have significant implications for interpreting isotopic data from herbivores. Low $\delta^{13}\text{C}$ values do not necessarily indicate strict forest-dwelling behavior but may reflect foraging in ecotones or near forest edges. This observation challenges simplified forest-versus-grassland models in palaeoecology and suggests that herbivore isotopic signatures reflect broader landscape context rather than exclusive habitat occupation.

Zróźnicowanie izotopowych poziomów odniesienia węgla i azotu w czwartorzędowych ekosystemach lądowych – projekt ISOBASE

Maciej T. Krajcarz¹, Magdalena Krajcarz², Rafał Kowalczyk³

¹*Instytut Nauk Geologicznych Polskiej Akademii Nauk,*

²*Instytut Archeologii, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu,*

³*Instytut Biologii Ssaków Polskiej Akademii Nauk*

Izotopowy poziom odniesienia to wartości izotopowe (np. najczęściej stosowane $\delta^{13}\text{C}$ i $\delta^{15}\text{N}$) poziomu troficznego, który uznajemy za podstawę badanej piramidy troficznej. W zależności od problematyki badawczej i możliwości materiałowych jest to najczęściej poziom troficzny producentów (roślin) lub roślinożerców. Izotopowy poziom odniesienia stanowi podstawę rekonstrukcji diety i relacji troficznych, gdyż każdy konsument w badanym (paleo)ekosystemie jest porównywany do tego poziomu.

Zwykle przyjmuje się, że izotopowy poziom odniesienia dla danego ekosystemu to konkretna pojedyncza wartość – średnia lub reprezentatywna dla wybranego poziomu troficznego. Czy na pewno jest to trafne założenie? W projekcie ISOBASE testujemy hipotezę, że w obrębie jednej społeczności roślin lub ssaków roślinożernych danego (paleo)ekosystemu może współistnieć wiele niezależnych poziomów odniesienia; jej potwierdzenie oznaczałoby, że do modeli przepływu izotopów — nawet dla jednego ekosystemu — należy włączać kilka odrębnych poziomów.

Docelowo interesują nas kopalne ekosystemy plejstocenu i starszego holocenu, ale przyjmujemy zasadę aktualizmu geologicznego, zgodnie z którą najpierw testujemy nasze założenia w ekosystemach współczesnych. Sprawdzamy, które podspołeczności roślin i roślinożerców lasu strefy umiarkowanej wykazują wyraźnie odmienne poziomy odniesienia oraz czy różnice te wiążą się z filogenezą, siedliskiem lub fizjologią, w tym z kontrastem mikrośrodków (np. zwarty okap vs. przestrzeń otwarta, sucha vs. wilgotna). Modelem aktualistycznym jest współczesna Puszcza Białowieska: określamy zmienność poziomów u roślin i roślinożerców, kwantyfikujemy frakcjonowanie na drodze roślina–kolagen roślinożerco, oraz rekonstruujemy przepływ węgla i azotu w sieci troficznej.

Uzyskane wzorce odnosimy następnie do kopalnych zespołów jaskiniowych Jury Polskiej, wykorzystując kolagen kostny — zwykle jedyny zachowany materiał organiczny. Wczesno- i późnoholoceńskie zespoły leśne (Jaskinia Perspektywiczna; Schronisko w Smoleniu III) umożliwiają porównanie kopalnych i współczesnych poziomów, a zespoły plejstocenne z Jaskini Perspektywicznej (późnoglacialna tundra; środkowovistulianśka stepotundra) rozszerzają analizę na chłodne, otwarte ekosystemy powszechne w czwartorzędzie Eurazji.

Metodyka łączy analizę izotopową C i N frakcji roślinnych (białko, celuloza, lignina) i kolagenu kostnego roślinożerców z podejściami nowatorskimi: analizą izotopową pojedynczych aminokwasów, sezonową zmiennością izotopową roślin, lokalnym efektem Suessa mierzonym w słojach drzew, oraz uwzględnieniem kopytnych, gryzoni i zajęczaków. Wyniki wskażą, ile prób odniesienia i jaka rozpiętość taksonomiczna są potrzebne w badaniach izotopowych.

Variability of carbon and nitrogen isotopic baselines in Quaternary terrestrial ecosystems – the ISOBASE project

Maciej T. Krajcarz¹, Magdalena Krajcarz², Rafał Kowalczyk³

¹*Institute of Geological Sciences, Polish Academy of Sciences*

²*Institute of Archaeology, Nicolaus Copernicus University in Toruń*

³*Mammal Research Institute, Polish Academy of Sciences*

Stable isotope baseline is the isotopic values (e.g., the most commonly used $\delta^{13}\text{C}$, $\delta^{15}\text{N}$) of the trophic level that is considered a base of the studied trophic pyramid. Depending on the research question and material availability, this is usually the trophic level of producers (plants) or herbivores. The isotope baseline provides the basis for reconstructing diet and trophic relationships, as each consumer in the studied (paleo)ecosystem is referenced to this level.

It is usually assumed that the isotope baseline for a given ecosystem is a specific single value – either average or representative of a selected trophic level. Is this a valid assumption? In the ISOBASE project, we test the hypothesis of multiple, independent baselines coexisting within one plant or mammalian herbivore community of a given (paleo)ecosystem. If that hypothesis is confirmed, several distinct baselines — rather than one — should be included in isotope flux models even for a single ecosystem.

Our ultimate focus are fossil ecosystems of the Pleistocene and earlier Holocene, but we adopt the principle of uniformitarianism, according to which we first test our assumptions in modern ecosystems. We examine which sub-communities of temperate-forest plants and herbivores carry distinctly different baselines, and whether those differences track phylogeny, habitat, or physiology, including contrasts between micro-environments (such as dense canopy vs. open landscape, dry vs. humid). The modern Białowieża Forest serves as the actualistic reference: we characterize baseline variability in plants and herbivores, quantify plant-to-herbivore collagen fractionation, and reconstruct the carbon–nitrogen flux across the trophic network.

We then relate the obtained patterns to fossil cave assemblages of the Polish Jura, using bone collagen — usually the only preserved organic archive. Early-to-Late Holocene forest assemblages (Perspektywiczna Cave; Shelter in Smoleń III) allow comparison of fossil and modern forest baselines, while Pleistocene assemblages from Perspektywiczna Cave (Late Glacial tundra; mid-Vistulian steppe-tundra) extend the test to cold, open ecosystems that were widespread across the Eurasian Quaternary record.

Methodologically, C and N isotopic analysis of plant fractions (protein, cellulose, lignin) and herbivore bone collagen is combined with novel elements: compound-specific (individual amino acid) isotopic analysis, seasonal isotopic variability in plants, the local Suess effect measured in tree rings, and consequent including ungulates, rodents, and lagomorphs. The results will indicate the number of reference samples and the taxonomic range required for (paleo)ecological isotope studies.

Psowate z Góry Połom (Sudety Zachodnie) jako zapis zmian środowiskowych późnego plejstocenu*

Aleksandra Kropczyk*, Adrian Marciszak

Zakład Paleozoologii, Wydział Nauk Biologicznych, Uniwersytet Wrocławski, Wrocław, Polska

**aleksandra.kropczyk@uwr.edu.pl*

Góra Połom, położona w Górach Kaczawskich, jest ważnym, ale ciągle słabo poznanym, paleontologicznym punktem na terenie Polski. Od końca XVIII wieku podczas eksploatacji wapieni odkryto tam liczne jaskinie i schroniska skalne zawierające bogate zespoły fauny plejstocenijskiej. Znaczna część materiałów została rozproszona pomiędzy muzeami i kolekcjami prywatnymi, a wiele stanowisk uległo zniszczeniu w trakcie eksploatacji kamieniołomu. Dotychczasowe próby datowania metodą AMS oraz U-Th nie pozwoliły na jednoznaczne określenie wieku większości materiału. Praca obejmuje analizę szczątków Canidae pochodzących z kilku stanowisk Góry Połom, których wiek obejmuje przedział od środkowego plejstocenu do holocenu (MIS 15–1). Materiał reprezentują m.in. lisa euroazjatycki *Lycaon lycaonoides*, cyjon rudy *Cuon alpinus*, wilk szary *Canis lupus*, lis rudy *Vulpes vulpes* i lis polarny *Vulpes lagopus*. Analizy morfologiczne i metryczne porównano z materiałami z innych stanowisk europejskich, co pozwoliło ocenić zmienność morfologiczną oraz znaczenie biochronologiczne poszczególnych taksonów. Uzyskane wyniki wskazują, że poszczególne zespoły psowatych nie tworzą jednej współczesnej sobie fauny, lecz odzwierciedlają kolejne etapy zmian klimatycznych zachodzących w plejstocenie. Szczególnie wyraźne są zmiany dotyczące wilka, którego szczątki dokumentują stopniowy wzrost rozmiarów ciała obserwowany w plejstocenie Europy, prowadzący do wykształcenia dużych form określanych jako *Canis lupus spelaeus*. Obecność lisa polarnego wskazuje na epizody chłodnych, otwartych środowisk tundrowo-stepowych, natomiast lis rudy reprezentuje gatunek towarzyszący zarówno środowiskom leśnym, jak i mozaikowym, obecny w różnych fazach plejstocenu.

Literatura:

Marciszak A., Stefaniak K., Górnig W. 2016. *Fossil theriofauna from the Sudety Mts (SW Poland): the state of research. Cranium* 33(1): 29–53.

Zróźnicowanie środowiska osadów lessowych Wyżyny Krakowsko-Częstochowskiej w świetle analizy malakologicznej*

Paulina Laskowska-Piekoszewska, Witold Paweł Alexandrowicz

*Akademia Górniczo-Hutnicza im. Stanisława Staszica w Krakowie, Wydział Geologii,
Geofizyki i Ochrony Środowiska, Katedra Geologii Ogólnej i Geoturystyki*

Less to drobnoziarnista skała osadowa, której środowisko jest bardzo korzystne dla zachowywania się szczątków organicznych, takich jak kości ssaków, czy pozostałości po gatunkach wymarłych. Najliczniej jednak znajdowane są skorupki mięczaków. Pojawiają się one zwłaszcza w pokrywach charakteryzujących się podwyższoną zawartością węgla wapnia. Ze względu na charakter środowiska, w którym następowała depozycja lessów, a także panujące w tych okresach warunki klimatyczne (zimny, polarny klimat) malakofauna występująca w lessach jest uboga pod względem składu gatunkowego i obejmuje niewielką grupę gatunków. Mięczaki są czułym wskaźnikiem warunków środowiska i umożliwiają prowadzenie rekonstrukcji paleograficznych, szczególnie w odniesieniu do zmian klimatu oraz siedlisk. Zmienność fauny mięczaków obserwowana w profilach stratygraficznych pozwala na rekonstrukcję regionalnych zmian środowiska wywołanych głównie czynnikami klimatycznymi.

Celem przeprowadzonych badań była rekonstrukcja zmian środowiska na podstawie zespołów mięczaków rozpoznanych w osadach lessowych występujących w okolicach Krakowa, w miejscowościach Maszków i Niedźwiedz, w południowej części Wyżyny Krakowsko-Częstochowskiej. Lessy występujące na tym obszarze są atrakcyjne w kontekście badań malakologicznych, głównie ze względu na dużą zawartość CaCO_3 , co wpływa pozytywnie na stan zachowanych skorup. Odsłonięcia wybrane do badań cechują się różną miąższością - od kilku do nawet 10 m. Szczegółowym badaniom malakologicznym poddano próbki ze stanowisk położonych ok. 20 km na północ od Krakowa.

Początek sedymentacji lessów w okolicy obszaru badawczego datowany jest na ok. 24 tys. lat B.P. Bazując na zespołach mięczaków oznaczonych w próbkach, skorupy pochodzą najprawdopodobniej z okresu późnego Vistulianu.

Podstawą analiz był materiał uzyskany z 45 próbek. Rozpoznano tu obecność typowej dla lessów malakofauny. W oznaczonym materiale stwierdzono występowanie 11 gatunków ślimaków lądowych reprezentowanych przez ponad 3100 okazów - w przypadku lessów można stwierdzić, że jest to fauna bogata - dzięki czemu umożliwiona była rekonstrukcja zmian środowiska naturalnego omawianego obszaru. Badania pozwoliły na analizę rozwoju lessów, potwierdzające występowanie fazy erozji, poprzedzającej sedymentację osadów. Zróźnicowanie siedlisk uzależnione jest od warunków lokalnych (rodzaj podłoża, wilgotność, ekspozycja), jednak nie utrudniało to dokonywania interpretacji.

Badania zostały sfinansowane w ramach programu „Inicjatywa Doskonałości – Uczelnia Badawcza” (IDUB) w Akademii Górniczo-Hutniczej w Krakowie.

Environmental diversity of loess deposits in the Kraków-Częstochowa Upland in the light of malacological analysis

Paulina Laskowska-Piekoszewska, Witold Paweł Alexandrowicz

Loess is a fine-grained sedimentary rock, the depositional environment of which is highly favorable for the preservation of organic remains, such as mammal bones or the relics of extinct species. However, the most abundant fossils found within these deposits are mollusk shells. They occur particularly within loess covers characterized by an elevated content of calcium carbonate. Due to the nature of the loess depositional environment and the prevailing climatic conditions of those periods (a cold, polar climate), the malacofauna present in loess is species-poor and comprises only a limited group of taxa. Mollusks serve as sensitive environmental indicators, enabling paleogeographic reconstructions, particularly with respect to climate and habitat dynamics. The variability of mollusk fauna observed in stratigraphic profiles allows for the reconstruction of regional environmental changes driven primarily by climatic factors.

The objective of this study was to reconstruct environmental changes based on mollusk assemblages identified in loess deposits occurring in the vicinity of Kraków, specifically in the localities of Maszków and Niedźwiedź, situated in the southern part of the Kraków-Częstochowa Upland. The loess covers in this region are particularly attractive for malacological research, primarily due to their high CaCO_3 content, which positively impacts shell preservation. The exposures selected for investigation exhibit varying thicknesses, ranging from several meters up to nearly 10 meters. Detailed malacological analyses were conducted on samples taken from sites located approximately 20 km north of Kraków.

The onset of loess sedimentation in the study area is dated to approximately 24 ka B.P. Based on the identified mollusk assemblages, the shells most likely originate from the Late Vistulian period.

The analysis was based on material obtained from 45 samples. The presence of a malacofauna typical for loess deposits was recognized. Within the identified material, 11 terrestrial gastropod species represented by over 3,100 specimens were documented. For loess environments, this can be considered a rich fauna, thereby enabling the reconstruction of natural environmental changes in the study area. The results facilitated an analysis of loess development, confirming the occurrence of an erosional phase preceding the sediment deposition. Variations in local habitats depended on site-specific conditions (substrate type, moisture level, aspect); however, these variations did not impede paleogeographic interpretation.

This research was funded by the Excellence Initiative – Research University (IDUB) programme at AGH University of Krakow.

KAMPOS: building bridges between archaeology and genetics with FAIR data management*

Flavia Leotta, Martyna Molak

Centre of New Technologies, University of Warsaw

With the development of new technological advances, paleogenomics is experiencing a steep increase in the number of samples per study, research team sizes and scope of international collaborations. While this enables archaeologists, paleobiologists and geneticists to tackle more complex historical questions together, it also highlights an urgent challenge: standardizing and managing sample metadata across multidisciplinary teams. Many community-driven initiatives have proposed solutions for data standardization in public repositories: the MInAS project (<https://www.mixs-minas.org/>) established guidelines for archeological metadata submission to EBI's ENA and NCBI's SRA, while the Poseidon Framework (<https://www.poseidon-adna.org/#/>) provided a specialized archive for ancient human genetic data. However, internal data management within research groups still largely relies on shared spreadsheets: while accessible, these tools present limitations on data validation, are sensitive to human error and often complicate the conversion of lab-tracking sheets into repository-ready submissions.

In this talk, we will discuss the importance of applying FAIR principles from the moment sample collection begins, highlighting which archaeological/paleontological and contextual information are indispensable for results interpretation. We will briefly explore the trade-off between flexibility and integrity when comparing relational databases and traditional spreadsheets, and finally we will introduce KAMPOS, an open-source customizable framework designed to bridge this gap. KAMPOS provides a user-friendly web interface that allows interdisciplinary teams to comfortably manage sampling, integrate aDNA analyses and automate metadata submission to public repositories, taking advantage of SQL databases without requiring users to write a single line of code.

Najlepszy przyjaciel człowieka, czy dogodna ofiara? Depozyty zwierzęce z osady kultury przeworskiej w Inowrocławiu, stan. 95*

Zuzanna Majbrodzka

Institute of Archaeology, Faculty of History, Nicolaus Copernicus University in Toruń, Poland
email: majbrodzka.z@doktorant.umk.pl

Intencjonalne depozyty szczątków zwierzęcych, składające się z kompletnych lub częściowych szkieletów, stanowią częstą grupę znalezisk na osadach kultury przeworskiej (ok. 200 p.n.e. – 400 n.e.). Dotychczas najwięcej tego typu odkryć dokonano na terenie Kujaw. Najliczniejszą grupę tworzą tzw. pochówki psów (ok. 200 znanych obecnie depozytów), a następnie depozyty kóz i owiec oraz innych zwierząt domowych. Znaleziska te wykazują specyficzne dla poszczególnych gatunków różnice w zakresie cech anatomicznych i tafonomicznych. W przypadku szczątków psów, zwykle są to kompletne szkielety, zachowane w układzie anatomicznym, podczas gdy inne gatunki odkrywane są jako „skupiska kości”, zazwyczaj noszących ślady rzeźnictwa i obróbki kulinarnej, które deponowano w niewielkich, wąskich jamach.

Kulturowe znaczenie intencjonalnych depozytów zwierzęcych dyskutowane było przez badaczy szczególnie intensywnie w latach 70. i 80. XX wieku. Zarówno pochówki psów, jak i depozyty innych ssaków domowych nie były jednak analizowane archeozoologicznie w szerokim zakresie. W konsekwencji, dotychczasowe interpretacje opierają się na niepełnym rozpoznaniu tego zjawiska. Taki stan badań skłonił do ponownej analizy depozytów oraz opracowania bardziej kompleksowej i wiarygodnej interpretacji ich genezy kulturowej, opartej także na danych kontekstowych pochodzących z badań archeologicznych. Główny materiał, czyli szkielety psów, jest obecnie przedmiotem badań realizowanych przez autorkę w ramach doktoratu oraz grantu NCN Preludium (nr projektu 2025/57/N/HS3/01941).

Jednym ze stanowisk analizowanych w ramach projektu jest rozległa osada kultury przeworskiej w Inowrocławiu (stan. 95). Badania wykopaliskowe o charakterze ratowniczym, poprzedzające budowę miejskiej oczyszczalni ścieków, przeprowadzono tam w latach 1976-1984 przez zespół badaczy z Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu. W trakcie prac odkryto około 60 depozytów zwierzęcych, w tym 40 depozytów psów oraz 18 depozytów należących do małych przeżuwaczy.

W wystąpieniu zaprezentowane zostaną wstępne wyniki analizy archeozoologicznej tych depozytów, obejmującej identyfikację taksonomiczną i anatomiczną materiału kostnego, osteometrię, ocenę płci i wieku śmierci, analizy tafonomiczne i paleopatologiczne oraz analizę kontekstową opartą na archiwalnej dokumentacji wykopaliskowej. Uzyskane wyniki zostaną włączone do szerszego studium regionalnego obejmującego pozostałe stanowiska kultury przeworskiej na Kujawach.

The man's best friend, or a convenient sacrifice? Animal deposits from the Przeworsk culture settlement in Inowrocław, site 95*

Zuzanna Majbrodzka

*Institute of Archaeology, Faculty of History, Nicolaus Copernicus University in Toruń, Poland
email: majbrodzka.z@doktorant.umk.pl*

Animal deposits consisting of complete or partial skeletons are a common phenomenon at settlement sites of the Przeworsk culture (ca. 200 BC-AD 400), with a particularly high frequency documented in Kuyavia, north-central Poland. Dog skeletons constitute the largest group of such deposits (approximately 200 known finds), followed by those of goats, sheep, and other domestic mammals. These deposits exhibit taxon-specific differences in their anatomical and taphonomic characteristics. So-called dog “burials” typically consist of articulated complete skeletons, whereas deposits of other species are generally composed of disarticulated skeletal elements bearing butchery marks and are often placed in small, narrow pits.

The cultural significance of these animal deposits has been discussed in the literature since the 1970s; however, both dog burials and deposits of other domestic mammals have so far received only preliminary archaeozoological examination. Consequently, existing interpretations are based on a limited understanding of the phenomenon. This state of research prompted a re-examination of the deposits and the development of a more comprehensive and reliable interpretation of their cultural origins, supported by newly available archaeological contextual data. The principal focus of the material, that is dog skeletons, is currently being investigated within the framework of the author's PhD and scientific project funded by National Science Centre in Poland (project no. 2025/57/N/HS3/01941).

One of the sites analyzed in this project is the important Przeworsk culture settlement at Inowrocław, site 95. The site was excavated during rescue investigations conducted between 1976 and 1984 by a team from Adam Mickiewicz University in Poznań prior to the construction of a sewage treatment plant. Approximately 60 animal deposits were recovered during the excavations, including 40 dog deposits and 18 deposits attributable to caprines.

This paper presents the results of an archaeozoological analysis of these deposits, including taxonomical and anatomical identification, osteometry, sex and age-at-death estimation, taphonomic and palaeopathology analysis, as well as contextual interpretation based on archival excavation documentation. These results will be incorporated into a broader regional study encompassing other Przeworsk culture sites in Kuyavia.

Kierunki zmian morfologicznych lisa rudego *Vulpes vulpes* (Linnaeus, 1758) i lisa polarnego *Vulpes lagopus* (Linnaeus, 1758) w kontekście przemian klimatycznych późnego plejstocenu Europy Środkowej*

Lena Matyaszczyk

Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt Polskiej Akademii Nauk, Kraków, Polska.

e-mail: matyaszczyk@isez.pan.krakow.pl

Lis rudy i polarny były gatunkami szeroko rozpowszechnionymi w Europie w późnym plejstocenie. Dziś gatunki te zamieszkują odrębne rejony geograficzne, konkurując ze sobą w miejscach gdzie ich zasięg występowania jest sympatryczny. W okresie późnego plejstocenu natomiast współwystępowały one na terenie Europy Środkowej. Liczne szczątki obu tych gatunków zostały odkryte na stanowiskach kultury graweckiej, datowanych na około 33 000–22 000 lat temu oraz na stanowiskach jaskiniowych. Jest to okres tuż przed maksimum ostatniego zlodowacenia, kiedy to klimat zaczynał się intensywnie zmieniać.

Opracowany materiał kostny z późnoplejstocénskich stanowisk Europy Środkowej pozwala na kompleksową ocenę morfologii tych zwierząt. Zestawienie uzyskanych wyników z danymi dotyczącymi współczesnych przedstawicieli obu gatunków umożliwia prześledzenie zmian ewolucyjnych zachodzących na przestrzeni czasu oraz potencjalnych różnic lokalnych. Analiza pokroju ciała, czyli szacowanie masy i wysokości w kłębie stanowi cenne narzędzie do oceny nie tylko morfologii poszczególnych osobników, lecz także tempa i kierunku zmian ewolucyjnych oraz zmian w strukturze populacji. Nowo opracowane współczynniki szacowania masy ciała, specyficzne dla rodzaju *Vulpes*, umożliwiają bardziej precyzyjną charakterystykę lisów pochodzących z analizowanych stanowisk.

Podziękowania i wsparcie finansowe: Badania te realizowane są w ramach projektu ERC CoG „Exploring Mammoth Bone Accumulations In Central Europe” (MAMBA) numer 101045245.

Składam podziękowania Instytutowi Biologii Ssaków Polskiej Akademii Nauk w Białowieży, Moravské zemské muzeum w Brnie, Národní muzeum w Pradze, Naturhistorisches Museum w Wiedniu, Zakładowi Paleozoologii Wydziału Nauk Biologicznych Uniwersytetu Wrocławskiego oraz Naturhistoriska riksmuseet w Sztokholmie za udostępnienie kolekcji.

Słowa kluczowe: plejstocen, lis polarny, lis rudy, osteometria, Europa Środkowa

Trends in morphological changes in the red fox *Vulpes vulpes* (Linnaeus, 1758) and the Arctic fox *Vulpes lagopus* (Linnaeus, 1758) in the context of Late Pleistocene climate change in Central Europe*

Lena Matyaszczyk

Institute of Systematics and Evolution of Animals, Polish Academy of Sciences, Kraków, Poland

e-mail: matyaszczyk@isez.pan.krakow.pl

The red fox and the Arctic fox were widely distributed across Europe during the Late Pleistocene. Today, these species inhabit distinct geographic regions, competing with one another in areas where their ranges overlap. During the Late Pleistocene, however, they coexisted in Central Europe. Numerous remains of both species have been recovered from Gravettian archaeological sites dated to approximately 33,000–22,000 years ago, as well as from cave deposits. This interval immediately preceded the Last Glacial Maximum, when the climate was undergoing rapid and pronounced changes.

The extensive osteological material recovered from Late Pleistocene sites in Central Europe provides a unique opportunity for a comprehensive assessment of the morphology of these foxes. Comparing the results obtained with data on modern representatives of both species makes it possible to trace evolutionary changes over time and identify potential local differences. The observed trends in body size reflect the combined influence of multiple factors associated with the changing climate of the Late Pleniglacial. The analysis of body proportions, including estimates of body mass and shoulder height, represents a valuable tool for assessing not only the morphology of individual specimens but also the rate and direction of evolutionary change and shifts in population structure. Newly developed body mass estimation equations specifically designed for the genus *Vulpes* provide a more accurate characterization of foxes recovered from the analysed sites.

Acknowledgements and financial support: This research is conducted within the ERC CoG project "Exploring Mammoth Bone Accumulations In Central Europe" (MAMBA) number 101045245.

I would like to thank the Mammal Research Institute of the Polish Academy of Sciences in Białowieża, Moravské zemské museum in Brno, the Národní muzeum in Prague, Naturhistorisches Museum Wien, Department of Palaeozoology, Faculty of Biological Sciences, University of Wrocław and the Naturhistoriska riksmuseet in Stockholm for providing access to the collection.

Keywords: Late Pleistocene, Arctic fox, red fox, osteometry, Central Europe

Literatura/References:

- Damuth, J. D., MacFadden, B. J. (Eds.). (1990). *Body size in mammalian paleobiology: estimation and biological implications*. Cambridge University Press.
- Sommer, R., Benecke, N. (2005). Late-Pleistocene and early Holocene history of the canid fauna of Europe (Canidae). *Mammalian Biology*, 70(4), 227–241.
- Wojtal, P., Svoboda, J., Roblíčková, M., Wilczyński, J. (2020). Carnivores in the everyday life of Gravettian hunters-gatherers in Central Europe. *Journal of Anthropological Archaeology*, 59, 101171.

Jaskinia Obłazowa: zaktualizowana chronologia i kontekst paleośrodowiskowy

Adam Nadachowski

Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN, Sławkowska 17, 31-016 Kraków

Jaskinia Obłazowa (Nowa Biała, Pieniński Pas Skałkowy) jest jedynym w polskich Karpatach stanowiskiem archeologicznym dokumentującym przemiany kulturowe i środowiskowe w długim przedziale czasowym późnego plejstocenu. Stanowisko znane jest z odkrycia spektakularnego zabytku archeologicznego – tzw. bumerangu wykonanego z ciosu mamuta – oraz najstarszych w Polsce szczątków anatomicznie współczesnego człowieka (*Homo sapiens*). W profilu stratygraficznym wyróżniono 21 warstw oraz 11 poziomów kulturowych reprezentujących środkowy i późny paleolit. W ciągu 30 lat badań (prowadzonych z przerwami w latach 1985–2025) opublikowano łącznie 54 daty radiowęglowe (^{14}C). Daty koncentrują się w kilku przedziałach czasowych. Pakiet późnoplejstocenijskich warstw I–V pochodzi z późnego glacjału (GS-1 – GS-2a, ok. 11,7 – 17,7 ka cal BP). Kolejne warstwy VI i VII są interpretowane jako odpowiadające okresowi maksimum ostatniego zlodowacenia (LGM). Kluczowym punktem odniesienia dla chronologii stanowiska jest warstwa VIII, zawierająca zabytki orygniackie (w tym bumerang) oraz szczątki ludzkie, datowane obecnie na ok. 42,4–38,6 ka cal BP (GS-9–GI-10). Warstwa ta interpretowana jest jako palimpsest, o czym świadczy dziewięć młodszych dat mieszczących się w przedziale ok. 36,3–25,8 ka cal BP. Środkowy paleolit reprezentują warstwy XV–XIX. Spągowa część sekwencji Jaskini Obłazowej jest ostrożnie datowana na ponad 50 tys. lat.

Badania fauny ssaków i ptaków z Jaskini Obłazowej wykazały obecność co najmniej 78 gatunków ssaków oraz 119 gatunków ptaków. Rekonstrukcję paleośrodowiska przeprowadzono z wykorzystaniem wskaźnika THI (*Taxonomic Habitat Index*), analizując oddzielnie zespoły drobnych ssaków i ptaków. Wyniki wskazują, że we wszystkich warstwach występowała mozaika siedlisk, której proporcje nie ulegały zasadniczym zmianom, nawet w okresie LGM. Liczba gatunków megafauny wynosiła najczęściej 5–6. Była ona wyższa w warstwie XVI (10 gatunków; legowisko hien) oraz w warstwie VIII (12 gatunków; palimpsest), natomiast w warstwie VI, odpowiadającej LGM, stwierdzono obecność wyłącznie renifera. W starszej części MIS 3 (warstwy XX–IX) liczba gatunków drobnych ssaków była niższa (9–14 gatunków) niż po LGM (warstwy V–I; 18–25 gatunków). Wynikało to częściowo z uwarunkowań tafonomicznych, a częściowo ze zmian klimatycznych i środowiskowych. Największe zmiany zaobserwowano w warstwach VII i VI (LGM), kiedy liczba gatunków ssaków zmniejszyła się z 49 do 28 (o 20 gatunków), natomiast liczba gatunków ptaków z 42 do 18 (o 24 gatunki). Zjawisko to należy wiązać z ochłodzeniem i kontynentalizacją klimatu. Spadek liczby gatunków ssaków dotyczył przede wszystkim megafauny i nietoperzy, podczas gdy drobne ssaki zachowały wysokie zróżnicowanie gatunkowe. Analizy faunistyczne potwierdziły dominację środowisk trawiasto-tundrowych z istotnym udziałem obszarów leśnych w całym badanym profilu jaskini. Środowiska te tworzyły w okresie około 12–55 ka cal BP mozaikowy biot późnoplejstocenijski.

Oblazowa Cave: updated chronology and palaeoenvironmental context

Adam Nadachowski

Institute of Systematics and Evolution of Animals PAS, Sławkowska 17, 31-016 Kraków

Oblazowa Cave (Nowa Biała, Pieniny Klippen Belt) is the only archaeological site in the Polish Carpathians documenting cultural and environmental changes over an extended period of the Late Pleistocene. The site is renowned for the discovery of a spectacular archaeological artefact—the so-called mammoth-tusk boomerang—as well as the oldest remains of anatomically modern humans (*Homo sapiens*) known from Poland. The stratigraphic sequence comprises 21 layers and 11 cultural horizons representing the Middle and Upper Palaeolithic. Over 30 years of research (conducted intermittently between 1985 and 2025), a total of 54 radiocarbon (^{14}C) dates have been published. These dates cluster within several chronological intervals. The upper Late Pleistocene sequence (layers I–V) dates to the Late Glacial (GS-1 to GS-2a, ca. 11.7–17.7 ka cal BP). Layers VI and VII are interpreted as corresponding to the Last Glacial Maximum (LGM). Layer VIII, containing Aurignacian artefacts (including the boomerang) and human remains currently dated to ca. 42.4–38.6 ka cal BP (GS-9–GI-10), provides the principal chronological reference point for the sequence. This layer is interpreted as a palimpsest, as indicated by nine younger dates ranging from ca. 36.3 to 25.8 ka cal BP. The Middle Palaeolithic is represented by layers XV–XIX. The basal part of the Oblazowa Cave sequence is conservatively dated to more than 50 ka.

Studies of the mammalian and avian faunas from Oblazowa Cave have documented the presence of at least 78 mammal species and 119 bird species. Palaeoenvironmental reconstruction was carried out using the Taxonomic Habitat Index (THI), with small mammals and birds analysed separately. The results indicate that a mosaic of habitats persisted throughout the entire sequence, with their relative proportions remaining broadly stable, even during the LGM. The megafaunal assemblage generally comprised five to six species. Species richness was higher in layer XVI (10 species; hyena den) and layer VIII (12 species; palimpsest), whereas layer VI, corresponding to the LGM, yielded only reindeer. During the earlier part of MIS 3 (layers XX–IX), the diversity of small mammals was lower (9–14 species) than after the LGM (layers V–I; 18–25 species). This pattern reflects both taphonomic factors and climatic and environmental changes. The most pronounced faunal turnover occurred in layers VII and VI (LGM), when the number of mammal species declined from 49 to 28 (a loss of 20 species), while bird diversity decreased from 42 to 18 species (a loss of 24 species). These changes are best explained by climatic cooling and increasing continentality. The reduction in mammalian diversity primarily affected megafauna and bats, whereas small mammals retained a high level of species diversity. Faunal analyses confirm the dominance of grassland-tundra environments with a substantial contribution of forested habitats throughout the cave sequence. Together, these habitats formed a mosaic Late Pleistocene biome between approximately 12 and 55 ka cal BP.

Łoś eurazjatycki – nietypowy gatunek refugialny: 50 tys. lat zmian siedliskowych i stabilności diety

Magdalena Niedziałkowska¹, Piotr Chibowski², Joanna Gornia¹, Emilia Hofman-Kamińska¹, Krzysztof Stefaniak³, Danijela Popović⁴, Mateusz Baca⁴, Rafał Kowalczyk¹, Bogdan Ridush⁵, Oleksandr Kovalchuk^{3,6}, Urszula Ratajczak-Skrzatek³, Daniel Makowiecki⁷, Kamilla Pawłowska⁸, Lembi Lõugas⁹, Eve Rannamäe¹⁰, Ulrich Schmölcke¹¹, Jarosław Wilczyński¹², Grzegorz Lipecki¹², Ralph Fyfe¹³, Jessie Woodbridge¹³, Paweł Mackiewicz¹⁴, Małgorzata Suska-Malawska²

Badania wielkoskalowe, obejmujące zarówno czas, jak i przestrzeń, pozwalają nam śledzić, w jaki sposób zwierzęta reagują na zmiany środowiskowe. Ma to szczególne znaczenie w przypadku dużych gatunków, z których wiele wyginęło lub zostało wyeliminowane z większości swojego dawnego zasięgu występowania od późnego plejstocenu. Łoś europejski (*Alces alces*), mimo że jest bardzo wrażliwy na zmiany klimatu i presję człowieka, obecnie rozszerza swój zasięg w niektórych częściach obszaru występowania i ponownie zasiedla tereny wcześniej opuszczone. Proces ten może przyczynić się do odbudowy ekosystemu, ale także zwiększa ryzyko konfliktów między ludźmi a dziką fauną, co podkreśla znaczenie zrozumienia wymagań ekologicznych tego gatunku. Przeanalizowaliśmy skład izotopów stabilnych węgla i azotu ($\delta^{13}\text{C}$ i $\delta^{15}\text{N}$) w kolagenie kości łosi, aby ocenić zmiany w czasie dotyczące diety i wykorzystania siedlisk w ciągu ostatnich 50 000 lat oraz porównać ekologię żerowania populacji europejskich i azjatyckich. Nasze analizy wykazały, że siedliska żerowania łosi zmieniały się w czasie w odpowiedzi na wielkoskalowe wahania klimatyczne i zmiany krajobrazu, podczas gdy zróżnicowanie diety było mniej wyraźne. Wartości $\delta^{13}\text{C}$ różniły się znacząco między populacjami europejskimi i azjatyckimi, odzwierciedlając odmienne warunki środowiskowe. Jednak ogólnie podobne wartości $\delta^{15}\text{N}$ sugerują porównywalną pędożerną dietę w obu regionach, przy czym należy pamiętać, że $\delta^{15}\text{N}$ nie stanowi bezpośredniej miary jakości pokarmu. W ciągu ostatnich 50 000 lat najsilniejszymi czynnikami kształtującymi zmienność $\delta^{13}\text{C}$ były wskaźniki pokrycia lasami, opady w najsuchszym miesiącu oraz temperatura latem – wszystkie te czynniki wykazywały ujemną korelację z wartościami $\delta^{13}\text{C}$, co jest zgodne z efektem pokrycia koronami drzew (canopy cover effect). Wartości $\delta^{15}\text{N}$ wykazywały dodatnią korelację z temperaturą latem, opadami w najsuchszym miesiącu oraz liczebnością krzewów strefy umiarkowanej, ale ujemną korelację z pokryciem wrzosowiskami i gęstością zaludnienia w okresie holocenu europejskiego. Współczesne łosie występują w bardziej otwartych siedliskach, co prawdopodobnie odzwierciedla skutki zmian krajobrazu przy jednoczesnym zachowaniu względnej stabilności troficznej; prawdopodobnie przyczyniło się to do ich przetrwania do dnia dzisiejszego, w przeciwieństwie do wielu innych roślinożerców z plejstocenu.

Badania były finansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki (projekt nr UMO-2018/29/B/NZ8/01173 i projektu BIOGEAST (projekt nr 2096/7 PR. UE/2011/2).

Eurasian moose as an atypical refugee species: 50,000 years of habitat shifts and dietary resilience

Magdalena Niedziałkowska¹, Piotr Chibowski², Joanna Gornia¹, Emilia Hofman-Kamińska¹, Krzysztof Stefaniak³, Danijela Popović⁴, Mateusz Baca⁴, Rafał Kowalczyk¹, Bogdan Ridush⁵, Oleksandr Kovalchuk^{3,6}, Urszula Ratajczak-Skrzatek³, Daniel Makowiecki⁷, Kamilla Pawłowska⁸, Lembi Lõugas⁹, Eve Rannamäe¹⁰, Ulrich Schmölcke¹¹, Jarosław Wilczyński¹², Grzegorz Lipecki¹², Ralph Fyfe¹³, Jessie Woodbridge¹³, Paweł Mackiewicz¹⁴, Małgorzata Suska-Malawska²

¹*Mammal Research Institute, Polish Academy of Sciences, Stoczek 1c, 17-230 Białowieża, Poland*

²*Faculty of Biology, University of Warsaw, Miecznikowa 1, 02-096 Warsaw, Poland*

³*Department of Palaeozoology, Faculty of Biological Sciences, University of Wrocław, Sienkiewicza 21, 50-335 Wrocław, Poland;*

⁴*University of Warsaw, Centre of New Technologies, S. Banacha 2c, 02-097 Warsaw, Poland*

⁵*Department of Physical Geography, Geomorphology and Paleogeography, Yuriy Fedkovych Chernivtsi National University, Kotsiubynskoho 2, 58012 Chernivtsi, Ukraine*

⁶*National Museum of Natural History of the National Academy of Sciences of Ukraine, Bohdana Khmelnytskoho 15, 01054 Kyiv, Ukraine*

⁷*Nicolaus Copernicus University, Institute of Archaeology, Department of Historical Sciences, Szosa Bydgoska 44/48, 87-100 Toruń, Poland*

⁸*Adam Mickiewicz University in Poznań, Institute of Geology, Krygowskiego 12, 61-680 Poznań, Poland*

⁹*Archaeological Research Collection, Tallinn University, 10 Rüütli Str., 10130 Tallinn, Estonia*

¹⁰*Department of Archaeology, Institute of History and Archaeology, University of Tartu, Jakobi 2, 51005 Tartu, Estonia*

¹¹*Leibniz-Zentrum für Archäologie (LEIZA), Schloss Gottorf, 24837 Schleswig, Germany*

¹²*Institute of Systematics and Evolution of Animals, Polish Academy of Sciences, Sławkowska 17, 31-016 Kraków, Poland*

¹³*School of Geography, Earth and Environmental Sciences, University of Plymouth, Plymouth, Devon PL4 8AA, UK*

¹⁴*Department of Bioinformatics and Genomics, Faculty of Biotechnology, University of Wrocław, Joliot-Curie 14a, 50-383 Wrocław, Poland*

Large-scale temporal and spatial studies allow us to track how animals respond to environmental changes. This is particularly important for large species, many of which became extinct or extirpated across much of their former distribution range since the Late Pleistocene. Eurasian moose (*Alces alces*), despite being highly vulnerable to climate change and human pressure, are currently expanding in parts of their range and recolonising previously abandoned areas. This process may contribute to ecosystem recovery but also heightens the risk of human–

wildlife conflict, highlighting the importance of understanding the species' ecological requirements. We analysed carbon and nitrogen stable isotope composition ($\delta^{13}\text{C}$ and $\delta^{15}\text{N}$) in the moose bone collagen to assess temporal changes in diet and habitat use over the last 50,000 years and to compare foraging ecology between European and Asian populations. Our analyses reveal that moose feeding habitats varied over time in response to large-scale climatic oscillations and landscape transformations, whereas variation in diet was less pronounced. $\delta^{13}\text{C}$ values differed significantly between European and Asian populations, reflecting contrasting environmental conditions. However, broadly similar $\delta^{15}\text{N}$ values suggest comparable browse-dominated diet across regions, while recognizing that $\delta^{15}\text{N}$ does not provide a direct measure of forage quality. During the 50,000 years the strongest predictors of $\delta^{13}\text{C}$ variation were forest cover indicators, precipitation of the driest month, and summer temperature, which are all negatively associated with $\delta^{13}\text{C}$ values, consistent with canopy cover effects. $\delta^{15}\text{N}$ values were positively related to summer temperature, precipitation of the driest month, and the abundance of temperate shrubs, but negatively associated with heathland cover and human population density in the European Holocene. Modern moose have been associated with more open habitats, possibly reflecting effects of landscape change but maintaining relative trophic stability, which likely contributed to their persistence into the present day, in contrast to many other Pleistocene herbivores.

The study was financed by the National Science Centre (NCN) grant no UMO-2018/29/B/NZ8/01173 and BIOGEAST project Contract No. 2096/7 PR. UE/2011/2

Which reindeer were hunted? Patterns of prey selection at gravettian open-air sites in central Europe*

Oliwia Oszczepalińska^{1*}, Piotr Wojtal¹, Ursula B. Göhlich², Martina Roblíčková³,
Jarosław Wilczyński¹

¹*Institute of Systematics and Evolution of Animals, Polish Academy of Sciences, Kraków, Poland*

²*Natural History Museum Vienna, Austria*

³*Moravian Museum, Anthropos Institute, Brno, Czech Republic*

**oszczepalinska@isez.pan.krakow.pl*

Reindeer *Rangifer tarandus* were an important source of meat, fat, and raw materials for the hunter-gatherer communities of the Upper Palaeolithic in Central Europe. This study examines prey selection from two complementary perspectives: age at death and body size, the latter being used to estimate body mass and the potential amount of edible tissue obtained from individual animals. Age at death was estimated from lower teeth (premolar or molar) using tooth eruption and occlusal wear. The analysed sample includes 86 specimens from Pavlov I, Dolní Věstonice I, Dolní Věstonice II, Kraków Spadzista and Willendorf II. The mortality profile is dominated by prime adults, followed by young adults, whereas juveniles and older individuals are less represented. Body mass and edible tissue estimates were based on 129 long bones (humerus or tibia) from Pavlov I, Dolní Věstonice I, Předmostí, Jaksice II, Langmannersdorf and Kraków Spadzista. Estimated body mass ranged from 48.7 to 104.2 kg, corresponding to approximately 17.9 kg to 51.3 kg of edible tissues, including lean tissue and fat. The results indicate variation in the estimated body mass of individuals and the resulting potential mass of edible tissue. When considered together with age profiles, these data provide a broader basis for evaluating whether hunter-gatherers preferentially acquired mature and potentially high-return animals. However, prey availability, herd structure, seasonality, carcass transport and site formation processes must be considered when interpreting these patterns.

Paleogenomic insights into the past and future of Balkan brown bears

Danijela Popović¹, Sonja Vuković², Vesna Dimitrijević², Ivana Živaljević³, Nemanja Marković⁴, Adrian Bălăşescu^{5,6}, Ana García-Vázquez⁶, Nadezhda Karastoyanova⁷, Magdalena Krajcarz⁸, Maciej T. Krajcarz⁹, Mateusz Baca¹, Mihajla Djan¹⁰, Duško Ćirović¹¹

¹ Centre of New Technologies, University of Warsaw, Poland

² Laboratory for Bioarchaeology, Faculty of Philosophy, University of Belgrade, Serbia

³ Department of History, Faculty of Philosophy, University of Novi Sad, Serbia

⁴ Institute of Archaeology, Belgrade, Serbia

⁵ “Vasile Pârvan” Institute of Archaeology, Romanian Academy, Bucharest, Romania

⁶ Research Institute of the University of Bucharest, Romania

⁷ National Museum of Natural History - Bulgarian Academy of Science, Sofia, Bulgaria

⁸ Institute of Archaeology, Nicolaus Copernicus University in Toruń, Poland

⁹ Institute of Geological Sciences, Polish Academy of Sciences, Warsaw, Poland

¹⁰ Faculty of Sciences, University of Novi Sad, Serbia

¹¹ Faculty of Biology, University of Belgrade, Serbia

The brown bear (*Ursus arctos*) is one of the few Eurasian megafaunal species to survive the Late Pleistocene extinctions. Once widespread across Europe, its range has been drastically reduced by intensive hunting and habitat loss, resulting in ten fragmented populations. Three of these occur in the Balkans, with Serbia representing a potential historical contact zone. Understanding the long-term dynamics of these populations is essential for interpreting their present-day genetic structure and conservation status. Here, we reconstruct the evolutionary history of Balkan brown bears over the past 50,000 years by integrating genomic analyses of ancient and modern DNA with stable isotope data. Preliminary results from Holocene specimens in Serbia reveal unexpectedly high mitochondrial DNA diversity, suggesting that past genetic variation greatly exceeded that of contemporary bears and included lineages no longer present today. To investigate this pattern, we are generating new whole-genome sequence data from ancient specimens spanning the Late Pleistocene to the present. These data are analysed together with genomic information from modern populations to reconstruct temporal and spatial patterns of demographic change, ancestry, admixture, and migration. Stable isotope measurements of bone collagen provide insight into diet and ecological flexibility, while radiocarbon dating establishes a robust chronological framework. Together, these approaches aim to clarify how brown bears persisted in the Balkans and to identify past sources of genetic diversity and connectivity. By placing modern populations in a deep-time context, this work establishes an evolutionary baseline to inform future conservation strategies aimed at maintaining genetic diversity, restoring connectivity, and improving long-term population resilience under ongoing environmental change.

The project is funded by the National Science Centre, Poland (2024/53/B/NZ8/02682).

Key words: brown bear; ancient DNA; Balkan Peninsula; Holocene; Late Pleistocene; population history; genetic diversity; conservation genetics

Jaskinia Graniczna – wyjątkowe stanowisko fauny kopalnej Wyżyny Krakowsko-Częstochowskiej*

Sylvia Pospuła^{1,2}, Maciej Burza¹, Anna Lemanik¹, Lena Matyaszczyk¹, Krzysztof Wertz¹,
Jarosław Wilczyński¹, Maciej Krajcarz³, Andrea Pereswiet-Soltan^{1,2}

¹*Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt, Polska Akademia Nauk, Kraków,*

e-mail: pospula@isez.pan.krakow.pl, pereswiet@isez.pan.krakow.pl

²*Club Speleologico Proteo Vicenza, Włochy*

³*Instytut Nauk Geologicznych Polskiej Akademii Nauk, Ośrodek Badawczy w Warszawie*

Jaskinia Graniczna położona jest w rejonie Raławic (gm. Krzeszowice), w południowej części Wyżyny Krakowsko-Częstochowskiej. Stanowi rozwinięty pionowo system szczelinowy, którego najniżej położony rozpoznany punkt znajduje się około 51 m poniżej głównego otworu. Szczególne znaczenie paleontologiczne ma część jaskini określana jako Studnia Inków, w której na różnych poziomach stwierdzono liczne szczątki fauny plejstoceny.

Sekwencja osadów Jaskini Granicznej obejmuje warstwy gliniaste, bogate w ostrokrawędzisty i ogładzony gruz wapienny, nacieki typu flowstone, wytrącenia fosforanów i lessy. Z litostratygraficznego punktu widzenia szczególnie interesujące są warstwy lessowe, związane z zimnymi i suchymi warunkami peryglacjalnymi. Stare stratygraficznie lessy, do jakich niewątpliwie należą te odkryte w Jaskini Granicznej, są znane tylko z kilku innych jaskiń Wyżyny Krakowsko-Częstochowskiej.

Dotychczasowa analiza materiału kostnego pozwoliła wyróżnić szczątki należące do co najmniej 11 gatunków ptaków, w tym 4 drapieżnych: jastrząb (*Astur gentilis*), uszatka błotna (*Asio flammeus*), puszczyk uralski (*Strix uralensis*), puchacz (*Bubo bubo*), 15 gatunków gryzoni, m.in. obroźnik tundrowy (*Dicrostonyx torquatus*), leming norweski (*Lemmus lemmus*), 4 gatunków nietoperzy, tj. nocek duży (*Myotis myotis*), nocek orzęsiony (*Myotis emarginatus*), nocek Natterera (*Myotis nattereri*), gacek brunatny, (*Plecotus auritus*), 1 gatunku owadożernego - ryjówka aksamitna (*Sorex araneus*) oraz 17 gatunków dużych ssaków, w tym 10 gatunków roślinożernych i 7 gatunków drapieżnych. Wśród zidentyfikowanych taksonów dużych ssaków znajdują się m.in. niedźwiedź (*Ursus* sp.), wilk (*Canis lupus*), lis (*Vulpes* sp.), hiena jaskiniowa (*Crocota crocota spelaea*), renifer (*Rangifer tarandus*), jeleń szlachetny (*Cervus elaphus*), koń (*Equus ferus*), tur (*Bos primigenius*), nosorożec włochaty (*Coelodonta* sp.), oraz mamut włochaty (*Mammuthus primigenius*). Jednym z ciekawszych odkryć paleontologicznych są szczątki jeżozwierza (*Hystrix* sp.).

Tak duże zróżnicowanie taksonomiczne odkrytej tutaj tanatocenozy wyróżnia Jaskinię Graniczną na tle innych jaskiń rejonu podkrakowskiego, w których zespoły faunistyczne są często silnie zdominowane przez szczątki niedźwiedzi jaskiniowych. Jaskinia Graniczna stanowi tym samym wyjątkowe stanowisko paleontologiczne regionu podkrakowskiego, dostarczające cennych danych na temat składu fauny plejstoceny, warunków środowiskowych oraz procesów odpowiedzialnych za akumulację i zachowanie szczątków kostnych w jaskiniach pionowych.

Jaskinia Graniczna – an exceptional fossil fauna site in the Kraków-Częstochowa Upland*

Sylwia Pospuła^{1,2}, Maciej Burza¹, Anna Lemanik¹, Lena Matyaszczyk¹, Krzysztof Wertz¹,
Jarosław Wilczyński¹, Maciej Krajcarz³, Andrea Pereswiet-Soltan^{1,2}

¹*Institute of Systematics and Evolution of Animals, Polish Academy of Sciences,
Kraków, e-mail: pospula@isez.pan.krakow.pl, pereswiet@isez.pan.krakow.pl*

²*Speleological Club Proteo Vicenza, Italy*

³*Institute of Geological Sciences, Polish Academy of Sciences, Research Centre in Warsaw*

The Graniczna Cave is located in the vicinity of Raclawice (Krzeszowice Municipality), in the southern part of the Kraków-Częstochowa Upland. It is a vertically developed fissure system, with the lowest identified point located approximately 51 m below the main entrance. Of particular palaeontological significance is the section of the cave known as Studnia Inków, where numerous remains of pre-Holocene fauna have been found at different levels.

The sedimentary sequence of the Graniczna Cave contains layers of loam rich in angular as well as smoothed limestone debris, flowstone, phosphate precipitates, and loess. From a lithostratigraphic perspective, the loess layers, associated with cold and dry periglacial conditions, are particularly interesting. Such old stratigraphy of loess as that discovered in Graniczna Cave is known only from a few other caves in the Kraków-Częstochowa Upland.

Analysis of the bone material conducted to date has identified remains belonging to at least 11 species of birds including four birds of prey: the goshawk (*Astur gentilis*), short-eared owl (*Asio flammeus*), Ural owl (*Strix uralensis*), and Eurasian eagle-owl (*Bubo bubo*), 15 rodent species including the collared lemming (*Dicrostonyx torquatus*) and Norway lemming (*Lemmus lemmus*), four bat species, the greater mouse-eared bat (*Myotis myotis*), Geoffroy's bat (*Myotis emarginatus*), Natterer's bat (*Myotis nattereri*), and brown long-eared bat (*Plecotus auritus*), and one insectivorous species (the common shrew (*Sorex araneus*), and 17 species of large mammals, including 10 herbivorous and 7 carnivorous species. The identified taxa include, among others, bear (*Ursus* sp.), wolf (*Canis lupus*), fox (*Vulpes* sp.), cave hyena (*Crocota crocuta spelaea*), reindeer (*Rangifer tarandus*), red deer (*Cervus elaphus*), horse (*Equus ferus*), aurochs (*Bos primigenius*), woolly rhinoceros (*Coelodonta* sp.), and woolly mammoth (*Mammuthus primigenius*). One of the more interesting specimens discovered in the Graniczna Cave consists of porcupine remains (*Hystrix* sp.).

Such a high taxonomic diversity distinguishes the Graniczna Cave from other caves in the Kraków region, where faunal assemblages are often strongly dominated by the remains of cave bears. The Graniczna Cave therefore represents an exceptional palaeontological site in the Kraków region, providing valuable data on the composition of Pleistocene fauna, environmental conditions, and the processes responsible for the accumulation and preservation of bone remains in vertical caves.

Wymarły koziorożec Albanii – ostatnie występowanie w południowej Europie?

Sylvia Pospuła^{1,2}, Bogdan Ridush³, Mateusz Baca⁴, Alicja Anna Kaźmierkiewicz⁴, Paweł Mackiewicz⁵, Aleksandra Żeromska^{5,6}, Urszula Ratajczak-Skrzatek⁷, Krzysztof Stefaniak⁷, Magdalena Słupińska⁸, Mariusz Polok⁸, Andrea Pereswiet-Soltan^{1,2}

¹*Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt, Polska Akademia Nauk, Kraków,
e-mail: pospula@isez.pan.krakow.pl, pereswiet@isez.pan.krakow.pl*

²*Club Speleologico Proteo Vicenza*

³*Yuriy Fedkovych Chernivtsi National University, Chernivtsi*

⁴*Centrum Nowych Technologii, Uniwersytet Warszawski, Warszawa*

⁵*Zakład Bioinformatyki i Genomiki, Wydział Biotechnologii, Uniwersytet Wrocławski, Wrocław*

⁶*Katedra Genetyki, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt, Uniwersytet Przyrodniczy, Wrocław*

⁷*Zakład Paleozoologii, Wydział Nauk Biologicznych, Uniwersytet Wrocławski, Wrocław*

⁸*Fundacja Speleologia Polska*

Koziorożec alpejski (*Capra ibex* Linnaeus, 1758) jest gatunkiem dzikiej kozy, który współcześnie występuje w Alpach. , natomiast w Pirenejach reprezentuje ją koziorożec pirenejski (*Capra pyrenaica* Schinz, 1838). W przeszłości koziorożec alpejski zamieszkiwał jednak znacznie większy obszar, obejmujący liczne górskie regiony Europy. Dotychczas za najmłodsze znaleziska *Capra ibex* uważano szczątki pochodzące ze stanowiska neolitycznego w Bułgarii. Jednak ich datowanie może być błędne. W przypadku Grecji wzmiankowane w literaturze szczątki *C. ibex* pochodzą sprzed ponad 35 000 lat. Ogólnie rzecz biorąc, wszystkie dotychczasowe doniesienia bibliograficzne dotyczą stanowisk położonych na wysokości poniżej 1500 m n.p.m. W Albanii odkryto szczątki co najmniej czterech osobników *C. ibex*, które padły śmiercią naturalną w dwóch jaskiniach położonych na wysokości około 2000 m n.p.m. Znaleziska te pochodziły spoza kontekstów archeologicznych i nie nosiły śladów polowania ani innej działalności człowieka. Datowanie czterech osobników wskazuje, że pochodziły one z środkowej epoki brązu, epoki żelaza (okres archaiczno-klasyczny) oraz okresu rzymskiego. Analizy cementu korzeniowego wykazały, że najstarszy z nich prawdopodobnie zginął w okresie zimowym. Jednakże jakość tego cementu nie jest najlepsza, więc potrzebne będą dalsze tego typu badania. Analizy genetyczne trzech, najpóźniejszych spośród czterech datowanych osobników potwierdziły ich przynależność do *Capra ibex*, wykazując jednocześnie, że tworzą one nieco odmienny kład w porównaniu z innymi europejskimi próbkami. Pomimo stosunkowo młodego wieku chronologicznego szczątków albańskich, przypisywanych epoce żelaza (okres archaiczno-klasyczny) i okresowi rzymskiemu, ich haplogrupy wyraźnie różnią się od grupy alpejskiej reprezentowanej przez współczesne i historyczne próbki z Włoch i Szwajcarii. Próbkę albańską są natomiast filogenetycznie bliższe okazom pochodzącym ze Słowacji, choć również tworzą w stosunku do nich odrębny kład. Może to wskazywać na przetrwanie w Europie Południowo-Wschodniej części różnorodności genetycznej *C. ibex*, która obecnie nie jest reprezentowana lub jest reprezentowana jedynie w niewielkim stopniu w populacjach alpejskich. W plejstocenie *Capra ibex* miał znacznie szerszy zasięg w Europie, który wskutek zmian środowiskowych i presji antropogenicznej stopniowo się kurczył, prowadząc do lokalnych wymierań. Odbudowa populacji alpejskich dzięki ochronie i reintrodukcjom nie odwróciła jednak skutków historycznego wąskiego gardła populacyjnego i związanego z nim zmniejszenia różnorodności

genetycznej. Odkrycie późnoholocenskich szczątków *C. ibex* w Albanii może wskazywać na dłuższe przetrwanie południowo-wschodnioeuropejskiej populacji oraz zachowanie części dawnej różnorodności genetycznej gatunku.

Analizy genetyczne były częściowo finansowane przez Narodowe Centrum Nauki, Polska w ramach projektu 2020/37/B/NZ8/02595. Chcielibyśmy podziękować naszym kolegom z Valbona International Exploring Team za pomoc podczas wyprawy, a w szczególności Łukaszowi Pokorskiemu za pomoc w odzyskaniu materiału. Chcielibyśmy również podziękować UIS (Międzynarodowej Unii Speleologicznej) za dwukrotne wsparcie naszych wypraw.

The extinct Albanian Ibex – the last occurrence in Southern Europe?

Sylwia Pospuła^{1,2}, Bogdan Ridush³, Mateusz Baca⁴, Alicja Anna Kaźmierkiewicz⁴, Paweł Mackiewicz⁵, Aleksandra Żeromska^{5,6}, Urszula Ratajczak-Skrzatek⁷, Krzysztof Stefaniak⁷, Magdalena Słupińska⁸, Mariusz Polok⁸, Andrea Pereswiet-Soltan^{1,2}

¹*Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt, Polska Akademia Nauk, Kraków,
e-mail: pospula@isez.pan.krakow.pl, pereswiet@isez.pan.krakow.pl*

²*Club Speleologico Proteo Vicenza*

³*Yuriy Fedkovych Chernivtsi National University, Chernivtsi*

⁴*Centrum Nowych Technologii, Uniwersytet Warszawski, Warszawa*

⁵*Zakład Bioinformatyki i Genomiki, Wydział Biotechnologii, Uniwersytet Wrocławski, Wrocław*

⁶*Katedra Genetyki, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt, Uniwersytet Przyrodniczy, Wrocław*

⁷*Zakład Paleozoologii, Wydział Nauk Biologicznych, Uniwersytet Wrocławski, Wrocław*

⁸*Fundacja Speleologia Polska*

The Alpine ibex (*Capra ibex* Linnaeus, 1758) is a species of wild goat that today occurs in the Alps, whereas in the Pyrenees, it is represented by the Iberian ibex (*Capra pyrenaica* Schinz, 1838). In the past, however, the Alpine ibex inhabited a much larger area, including numerous mountainous regions across Europe. Until now, the youngest known remains of *Capra ibex* were thought to be specimens from a Neolithic site in Bulgaria. However, their dating may be incorrect. In Greece, the remains of *Capra ibex* reported in the literature are more than 35,000 years old. More generally, all previously reported finds come from sites located below 1,500 m above sea level. In Albania, the remains of at least four *C. ibex* individuals were discovered in two caves situated at approximately 2,000 m a.s.l.. These remains were recovered outside archaeological contexts and showed no evidence of hunting or any other human activity. Radiocarbon dating indicated that the four individuals dated to the Middle Bronze Age, the Iron Age (Archaic–Classical period), and the Roman period. Analysis of the root cement revealed that the oldest of these likely died during the winter. However, the quality of this tissue is not the best, so further research is needed. Genetic analyses of the three youngest dated individuals confirmed their identification as *C. ibex* and showed that they form a somewhat distinct clade compared with other European samples. Despite the relatively recent age of the Albanian remains, assigned to the Iron Age (Archaic–Classical period) and the Roman period, their haplogroups differ markedly from the Alpine lineage represented by modern and historical samples from Italy and Switzerland. Instead, the Albanian specimens are phylogenetically closer to samples from Slovakia, although they still form a separate clade. This may indicate

the survival in southeastern Europe of a portion of the genetic diversity of *C. ibex* that is either absent or only weakly represented in present-day Alpine populations. During the Pleistocene, *C. ibex* had a much wider distribution across Europe. As a result of environmental changes and increasing anthropogenic pressure, its range gradually contracted, leading to local extinctions. Although conservation measures and reintroduction programs successfully restored Alpine populations, they did not reverse the effects of the historical population bottleneck and the associated loss of genetic diversity. The discovery of Late Holocene *C. ibex* remains in Albania may therefore indicate a longer persistence of a southeastern European population and the preservation of part of the species' former genetic diversity.

The genetic analyses were partially financed by the National Science Centre, Poland as part of the project 2020/37/B/NZ8/02595. We would like to thank our colleagues from the Valbona International Exploring Team for their assistance during the expedition, and in particular Łukasz Pokorski for his help in recovering the equipment. We would also like to thank the UIS (International Union of Speleology) for supporting our expeditions on two occasions.

Zbyt zniszczone, by być przydatne, czy jednak lepsze niż nic?
Analiza możliwości i ograniczeń związanych z wykorzystaniem metod 3D w badaniach
nad fragmentami przeszłości*

Luca Ranza, Małgorzata Tokarska

Instytut Biologii Ssaków Polskiej Akademii Nauk, Białowieża

Naukowcy zajmujący się analizą szczątków kopalnych są świadomi, że jedną z największych trudności, z jakimi trzeba się zmierzyć, jest fragmentaryczność i niejednorodność okazów. Różnorodne procesy związane z fosylizacją i tafonomią w znacznym stopniu zaburzają pierwotne proporcje anatomiczne i kształt szczątków, co często sprawia, że przeprowadzenie tradycyjnych badań anatomicznych i porównań staje się praktycznie niemożliwe. W ostatnich latach, wraz z pojawieniem się niespotykanej dotąd mocy obliczeniowej i informatycznej, opracowano nowe rodzaje analiz, a tradycyjna morfometria ustąpiła miejsca bardziej zaawansowanym technikom wielowymiarowym wykorzystującym dane 3D. W niniejszej pracy eksperymentujemy z różnymi narzędziami, badając możliwości i ograniczenia poszczególnych protokołów. W tym celu przeanalizowano trzy fragmentaryczne szczątki czaszki: jeden okaz należący do gatunku *Ursus gr. spelaeus* ze środkowego plejstocenu północnych Włoch, jeden okaz należący do *Panthera gr. spelaea* (*Panthera spelaea*, *Panthera leo fossilis*, *Panthera fossilis*) ze środkowego plejstocenu północnych Włoch oraz jeden okaz należący do *Bison sp.* (*B. bonasus* lub *B. priscus*) z górnego plejstocenu w Polsce. Ze względu na fragmentaryczny charakter materiału celem pracy jest zbadanie wszystkich realnych metod pozwalających na uzyskanie jak największej ilości informacji wyłącznie przy użyciu ilościowej analizy kształtu.

W tym celu jako okazy referencyjne, zgromadziliśmy szeroki wybór czaszek zeskanowanych w 3D, pochodzących zarówno z kolekcji Instytutu Badań nad Ssakami, jak i z internetowych zeskanowanych zbiorów. Próbkę tę należą do gatunków mniej lub bardziej spokrewnionych taksonomicznie ze skamieniałościami będącymi przedmiotem badań.

Nawet jeśli intuicyjnie mogłoby się wydawać, że analiza 3D jest ogólnie procesem ekonomicznym (w porównaniu z tradycyjnymi analizami chemicznymi, izotopowymi czy genetycznymi), wiąże się ona z szerokim zakresem wydatków i czasochłonnych czynności, a ponadto dostarcza wyniki całkowicie nieporównywalnych z wynikami tradycyjnych metod. W niniejszej krótkiej pracy przeanalizowano różne dostępne procedury, aby odpowiedzieć na pytanie, czy w badaniach dotyczących materiałów fragmentarycznych warto uwzględnić etap analizy morfometrycznej 3D, czy też skoncentrować czas i zasoby na innych aspektach.

Too broken to be useful or anything is better than nothing?
Exploring the possibilities and limitations offered by 3D approaches to the study of
fragments from the past*

Luca Ranza, Małgorzata Tokarska

Mammal Research Institute, Polish Academy of Science, Białowieża

Everyone that found himself concerned with the analysis of fossil remains knows, one of the biggest constraints that you have to face is the fragmentariness and inconsistency of the specimens. Various processes related to fossilization and taphonomy actively disrupt the original anatomical proportions and shape of the remains, often making de-facto impossible to conduct traditional anatomical studies and comparisons. In recent years, with the emergence of never-seen-before informatic and computing power, new kinds of analysis have been developed, and traditional morphometry has made way for more advanced multivariate techniques involving the use of 3D data. In this work we experiment with various tools testing the potentialities and limits of the different protocols.

In order to do so, 3 partial cranial remains have been analyzed: one specimen belonging to *Ursus gr. spelaeus* from the middle Pleistocene of northern Italy, one specimen belonging to *Panthera gr. spelaea* (*Panthera spelaea*, *Panthera leo fossilis*, *Panthera fossilis*) from the middle Pleistocene of northern Italy, and one specimen belonging to *Bison sp.* (*B. bonasus* or *B. priscus*) from the upper Pleistocene of Poland. Since the fragmentary nature of the material, the scope of the work is to explore every viable method to extract more information as possible, with just the use of quantitative analysis of shape.

To do so, we collected a wide variety of 3D scanned skulls, from both the Mammal Research Institute collection and online repositories of scanned specimens, to use as reference. The samples belong to species more or less taxonomically related to the fossils object of the study.

Even if instinctively it might seem that 3D analysis is an overall economic process (compared to traditional chemical, isotopic or genetic analysis), it involves a vast range of expenses and time-consuming practices, other than producing outputs completely incomparable to the aforementioned methods. This quick work explores the various procedures available in order to answer the question if, in a study concerning fragmentary materials, it is really worth to incorporate a 3D morphometric analysis phase or rather concentrate time and resources elsewhere.

Wypełniając lukę: nowe mitogenomy fok szarych i fok grenlandzkich z południowego i wschodniego Bałtyku

Natalia Sawka-Gądek¹, Nina Kowalik¹, Lembi Lõugas^{2,3}, Piotr Wojtal¹

¹ Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt Polskiej Akademii Nauk Ul. Sławkowska 17 31-016 Kraków, Polska email: sawka@isez.pan.krakow.pl; kowalik@isez.pan.krakow.pl; wojtal@isez.pan.krakow.pl

² Archaeological Research Collection, Tallinn University, Ankru 4a, 11713 Tallinn, Estonia; ³ Department of Zoology, Institute of Ecology and Earth Sciences, University of Tartu, Liivi 2, 50409 Tartu, Estonia email: lembilgs@tlu.ee

Dotychczasowe badania mitogenomów bałtyckich populacji foki szarej (*Halichoerus grypus*) i foki grenlandzkiej (*Pagophilus groenlandicus*) wskazywały na istotne zmiany w strukturze genetycznej populacji około 2500–3000 lat p.n.e. Obowiązująca hipoteza zakłada lokalne wymarcie części tych populacji, a następnie rekolonizację Bałtyku przez osobniki pochodzące z Morza Północnego lub obszarów arktycznych. Opublikowane w 2025 roku dane Bro-Jørgensen i współautorów dotyczące foki grenlandzkiej nie obejmowały jednak wyników badań tych zwierząt z południowej i wschodniej części Bałtyku, w szczególności z terenów dzisiejszej Polski. Analiza szczątków fok ze stanowiska w Rzucewie nad Zatoką Pucką pozwala uzupełnić tę lukę geograficzną oraz dostarczać danych dla brakującego przedziału chronologicznego.

Przedstawiamy wstępne wyniki analiz genomicznych szczątków fok szarych i grenlandzkich pochodzących z archeologicznych stanowisk polskich (Rzucewo) i estońskich (Asva i Ridala). Głównym celem badań jest weryfikacja hipotezy dotyczącej rekolonizacji Bałtyku przez te gatunki, określenie możliwej chronologii i kierunków geograficznych tego procesu. Otrzymane rezultaty badań wskazują na znaczne zróżnicowanie jakości zachowanego DNA w szczątkach fok oraz stopnia pokrycia mitogenomu pomiędzy analizowanymi próbkami. Spośród 14 dotychczas przebadanych okazów cztery zostały zidentyfikowane jako foka szara, natomiast pozostałe jako foka grenlandzka. Określona podczas naszych badań płęć osobników ma obecnie charakter wstępny ze względu na niską jakość otrzymanych odczytów. Analiza sieci haplotypów foki szarej ze stanowiska Asva (próbka AZ-5754) wykazała, że odpowiada ona znanemu, choć rzadko spotykanemu, haplotypowi referencyjnemu. Natomiast kolejna próbka (AZ-3469) z tego samego stanowiska wskazuje na jej bliskie pokrewieństwo z dominującym klastrem haplotypów bałtyckich. Równolegle prowadzone są analizy mitogenomów foki grenlandzkiej, obejmujące próbki ze stanowisk Rzucewo i Asva. Ich przebadanie pozwoli na pełniejszą rekonstrukcję historii populacyjnej obu gatunków fok w południowo-wschodnim w regionie Bałtyku.

Filling the gap: new archaeological mitogenomes of grey and harp seals from the southern and eastern Baltic

Natalia Sawka-Gądek¹, Nina Kowalik¹, Lembi Lõugas^{2,3}, Piotr Wojtal¹

¹*Institute of Systematics and Evolution of Animals Polish Academy of Sciences. Sławkowska 17 31-016 Kraków, Poland email: sawka@isez.pan.krakow.pl; kowalik@isez.pan.krakow.pl; wojtal@isez.pan.krakow.pl* ²*Archaeological Research Collection, Tallinn University, Ankrui 4a, 11713 Tallinn, Estonia;* ³*Department of Zoology, Institute of Ecology and Earth Sciences, University of Tartu, Liivi 2, 50409 Tartu, Estonia email: lembilgs@tlu.ee*

Previous studies of mitogenomes from Baltic populations of the grey seal (*Halichoerus grypus*) and the harp seal (*Pagophilus groenlandicus*) indicated significant changes in population genetic structure around 2500–3000 BC. The prevailing hypothesis assumes the local extinction of part of these populations, followed by recolonization of the Baltic by individuals originating from the North Sea or Arctic regions. However, the data on the harp seal published in 2025 by Bro-Jørgensen and co-authors did not include results from animals from the southern and eastern Baltic, in particular from the territory of present-day Poland. Analysis of seal remains from the site at Rzućewo on the Puck Bay allows this geographical gap to be filled and provides data for the missing chronological interval.

We present preliminary results of genomic analyses of grey and harp seal remains from Polish (Rzućewo) and Estonian (Asva and Ridala) archaeological sites. The main aim of the research is to verify the hypothesis concerning the recolonization of the Baltic by these species, and to determine the possible chronology and geographic directions of this process. The results obtained indicate considerable variation in the quality of preserved DNA in the seal remains, as well as in the degree of mitogenome coverage among the analyzed samples. Of the 14 specimens examined so far, four were identified as grey seal, while the remaining ones were identified as harp seal. The sex of the individuals determined in our study is currently preliminary in nature, due to the low quality of obtained reads. Haplotype network analysis of the grey seal from the Asva site (sample AZ-5754) showed that it corresponds to a known, though rarely encountered, reference haplotype. In contrast, another sample (AZ-3469) from the same site shows close kinship with the dominant cluster of Baltic haplotypes. Analyses of harp seal mitogenomes are being carried out in parallel, including samples from the Rzućewo and Asva sites. Their examination will allow for a more complete reconstruction of the population history of both seal species in the south-eastern Baltic region.

Literatura/Reference:

Bro-Jørgensen MH, Ahlgren H., Glykou A., Ruiz-Puerta EJ., Lõugas L., Gotfredsen AB, Olsen MT, Lidén K. 2025. “The Evolutionary History of the Extinct Baltic Sea Harp Seal Population.” *Ecology and Evolution* 15 (5): e71322.

Skalne duchy przeszłości – czwartorzędowe koziorożce z Europy Środkowej

Krzysztof Stefaniak¹, Katarzyna Zarzecka-Szubińska¹, Adam Nadachowski², Sylwia Pospuła²,
Andrea Pereswiet-Soltan², Paweł Valde-Nowak³, Paweł Mackiewicz⁴, Aleksandra Żeromska⁵,
Mateusz Baca⁶, Alicja Anna Kaźmierkiewicz⁶, Marián Soják⁷

¹Zakład Paleozoologii, Wydział Nauk Biologicznych, Uniwersytet Wrocławski, Wrocław

²Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN, Kraków

³Instytut Archeologii, Uniwersytet Jagielloński, Kraków

⁴Zakład Bioinformatyki i Genomiki, Wydział Biotechnologii, Uniwersytet Wrocławski, Wrocław

⁵Katedra Genetyki, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt, Uniwersytet Przyrodniczy, Wrocław

⁶Centrum Nowych Technologii, Uniwersytet Warszawski, Warszawa

⁷Instytut Archeologii, Słowacka Akademia Nauk, Nitra

Współcześnie na obszarze Europy występują dwa gatunki koziorożców: koziorożec alpejski *Capra ibex* Linnaeus, 1758 znany z obszaru Alp i *Capra pyrenaica* Schinz, 1838 występujący w Pirenejach. W okresach zlodowaceń koziorożce migrowały na przedpole gór i obszary wyżynne, znacznie rozszerzając swój areal. Przemieszczenia te były wymuszone kurczeniem się sprzyjających siedlisk na skutek rozwoju lodowców górskich oraz obniżenia granicy wiecznego śniegu. Jednakże w warunkach polepszenia klimatu gatunki te wracały na obszary górskie (Czyżewska 1989; Nadachowski i in. 2015a; b). W niniejszym badaniu zebrano dane dotyczące znalezisk koziorożca alpejskiego na stanowiskach w środkowej i południowej Europie. Na obszarze Grecji gatunek ten był notowany na 9 stanowiskach, a szczątki datowane są od środkowego plejstocenu (MIS 14-12) do holocenu (Crégut-Bonnoure, Tsoukala 2005; Gekos 2023). Koziorożec wymarł tam po 5 600 BC. W Chorwacji koziorożca odkryto na 5 stanowiskach, także z górnego plejstocenu (Lenardić i in. 2018). W Bułgarii był odnotowany w 24 stanowiskach z górnego plejstocenu i holocenu (Boev 2022; Ivanova i in. 2012). Na obszarze Austrii gatunek ten występował w 35 stanowiskach datowanych z okresu MIS 3-1 (Döppes, Rabeder 1998). Z Węgier znamy 5 górnoplejstocenijskich stanowisk (Jánossy 1986; Patou-Mathis i in. 2016). W Republice Czeskiej znanych jest 29 stanowisk z górnego plejstocenu (Havlova 2014; Musil 2018; informacja ustna Jan Wagner). Z Niemiec raportowane są 2 stanowiska z końca plejstocenu (Müller, Pasda 2023; Wong i in. 2020). Na obszarze Polski koziorożec alpejski występował na 4 stanowiskach z górnego plejstocenu: Jaskinia Łokietka, Jaskinia Ciemna, Schronisko Wylotne (MIS 5a-d – MIS 3) (Madeyska, Cyrek 2002; Nadachowski i in. 2015a; b; Valde-Nowak i in. 2014; Wojtal 2007; Wojtal, Patou-Mathis 2003; Zarzecka-Szubińska i in. 2026) oraz Jaskini Wielkowiejskiej w okolicach Krakowa (dane niepublikowane).

W ostatnich latach odkryto bogate znaleziska koziorożca alpejskiego w Tatrach, na obszarze Słowacji w pobliżu granicy z Polską, w stanowisku Hučivá Diera. Jego szczątki ilościowo dominują tam wśród gatunków dużych ssaków a diagnoza gatunkowa została potwierdzona genetycznie. Są one datowane na koniec plejstocenu (Bölling – GI-1e), na czas rozwoju kultury magdaleńskiej (Valde-Nowak i in. 2022; 2024; 2026). Znaleziska z jaskini Hučivá Diera potwierdzają powrót gatunku w strefę wysokogórską po kryzysie LGM.

Literatura:

Boev Z.N. 2022. Alpine ibex (*Capra ibex* Linnaeus, 1758) in Bulgaria – Fossil Records, Distribution and

- Extinction. Bulletin of the Natural History Museum – Plovdiv, 7: 13-20.
- Crégut-Bonnoure E., Tsoukala E., 2005. The Pleistocene Caprinae (Mammalia, Bovidae) from the Petralona Cave (Macedonia, Greece): new interpretation and biogeographical implications. In E. Crégut-Bonnoure (dir.), Les ongulés holarctiques du Pliocène et du Pléistocène. Actes colloque international Avignon, 10-22 septembre 2000. Quaternaire, hors-série, 2, 161-178
- Czyżewska, T. 1989. Parzystokopytne – *Artiodactyla*. [W:] K. Kowalski (Ed.). *Historia i ewolucja lądowej fauny Polski. Folia Quaternaria*, 59-60: 209-217.
- Döppes D., Rabeder G. (eds), 1999. Pliozäne und pleistozäne Faunen Österreichs. Mitteilungen der Kommission für Quartärforschung der Österreichischen Akademie der Wissenschaften, 10: 1-411.
- Geskos, A. 2023. Past and present distribution of the genus *Capra* in Greece. *Acta Theriologica*, 58, 1-11, DOI 10.1007/s13364-012-0094-9
- Havlová T. 2014. Katalog obratlovčí fauny z pleistocenních lokalit na území Prahy. Diplomová práce; Přírodovědecká fakulta; Univerzita Karlova v Praze, 114 pp.
- Ivanova S., Gurova M., Spassov N., Popov V., Makedonska J., Tzankov T., Strait D. 2012. Preliminary Findings of the Balkan Paleo Project: Evidence of Human Activity at the "Gateway" of Europe During the Late Pleistocene. *Bulgarian e-Journal of Archaeology*, 2: 1-24.
- Jánossy D. 1986. Pleistocene vertebrate faunas of Hungary, Akadémia Kiadó, Budapest. 208 pp.
- Lenardić, J.M., Sršen, A.O., Radović, S. 2018. Quaternary fauna of the Eastern Adriatic (Croatia) with the special review on the Late Pleistocene sites. *Quaternary International*, 494, 130-151,
- Madeyska, T., Cyrek, K. 2002. Cave fillings – a chronicle of the past. An outline of the Younger Pleistocene cave sediments (Cracow-Częstochowa Upland). *Acta Geologica Polonica*, 52: 75-96.
- Musil, R. 2018. Phenological analysis of the Last Glacial vertebrates from the territory of Moravia (the Czech Republic) – Continuity and change in faunistic communities. *Fossil Imprint*, 74, 3-4, 199-236.
- Müller W., Pasda C. 2023. More on the Magdalenian in Thuringia – A re-investigation of the faunal remains from Teufelsbrücke. *Quartär*. 70, 47-71.
- Nadachowski A., Krajcarz M., Krajcarz M. T., Madeyska T., Ridush B., Valde-Nowak P., Wojtal P., Zarzecka-Szubińska K., 2015a. Fauna kręgowców z wybranych stanowisk strefy pery- i metakarpackiej w młodszym plejstocenie [w:] M. Łanczont, T. Madeyska (red.) *Paleolityczna ekumena strefy pery- i metakarpackiej*, Wydawnictwo Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin, 597-642, 971.
- Nadachowski A., Marciszak A., Ridush B., Stefaniak K., Wilczyński J., Wojtal P. 2015b. Eksploatacja zasobów fauny przez paleolityczne społeczności łowiecko-zbierackie na przykładzie strefy pery- i metakarpackiej. [W:] Łanczont M., Madeyska T. (red.) *Paleolityczna ekumena strefy pery- i metakarpackiej*. Wydawnictwo UMCS, Lublin, pp. 837- 910.
- Patou-Mathis M., Vercoutère C., Lengyel G., Szolyak P., Mester Z. 2016. New interpretation of the upper Palaeolithic human occupations at Istállóskő cave (Bükk Mountains, Hungary). *Eurasian Prehistory* 13 (1-2): 77-90.
- Valde-Nowak P., Alex B., Ginter B., Krajcarz M.T., Madeyska T., Miękina B., Sobczyk K., Stefański D., Wojtal P., Zając M., Zarzecka-Szubińska K., 2014. Middle Paleolithic sequences of Ciemna Cave (Prądnik valley, Poland): The problem of synchronization. *Quaternary International*, 326-327, 125-145.
- Valde-Nowak P., Baca M., Cieśla M., Kościuk-Załupka J., Kraszewska A., Lemanik A., Nadachowski A., Popović D., Skłucki J., Sojak M., 2022. Hučivá Cave: a Magdalenian hunting camp in the Tatra Mountains. *Antiquity* 96 (388), 1008-1014. <https://doi.org/10.15184/aqy.2022.60>.
- Valde-Nowak P., Kerneder-Gubała K., Kowal M., Kościuk-Załupka, J., Kraszewska A., Makuła K., Skłucki J. 2024. Archaeological research of three caves in the Tatra Mountains in 2019-2023. *Acta Archaeol. Carpathica* 59, 11-40. <https://doi.org/10.4467/00015229AAC.24.002.21115>.
- Valde-Nowak P., Hajnalova M., Kerneder-Gubała K., Kościuk-Załupka J., Kowal M., Kraszewska A., Kurzawska A., Lemanik A., Lisa L., Makuła K., Miśta-Jakubowska E., Nadachowski A., Orvošova M., Siuda R., Skłucki J., Wacnik A., Wertz K., Zarzecka-Szubińska K., Soják M. 2026. High mountains, Late Palaeolithic hunting. The case of Hučivá Diera Cave in the Tatra Mts. (West Carpathians). *Quaternary International*, 758, 110151, <https://doi.org/10.1016/j.quaint.2026.110151>.
- Wojtal P. 2007. Zooarchaeological studies of the Late Pleistocene sites in Poland. Institute of Systematics and Evolution of Animals, Polish Academy of Science, Kraków. 189 pp.
- Wojtal P., Patou-Mathis M., 2003. Middle Palaeolithic fauna in Poland. *BAR International Series*, 1105, 83-89.
- Wong G.L., Starkovich B.M., Drucker D.G., Conard, N.J. 2020. New perspectives on human subsistence during the Magdalenian in the Swabian Jura, Germany. *Archaeologica and Anthropological Sciences*, 12, 217. <https://doi.org/10.1007/s12520-020-01119-w>
- Zarzecka-Szubińska K., Marciszak A., Lipecki G., Valde-Nowak P., Sobczyk K., Wojtal P., Stefański D. 2026. Multidirectional processing of mammalian remains by the Neanderthals from the Ciemna Cave, Main Chamber (southern Poland). *Quaternary International*, 757, 110084. <https://doi.org/10.1016/j.quaint.2026.110084>

Bydło w średniowiecznej sieci osadniczej rejonu Sanoka. Wstępne wyniki interdyscyplinarnych badań*

Olha Synkovska¹, Joanna Piątkowska-Małecka²

¹*Szkoła Doktorska Nauk Humanistycznych, Uniwersytet Warszawski, Wydział Archeologii*

²*Uniwersytet Warszawski, Wydział Archeologii*

Celem wystąpienia jest przedstawienie wstępnych wyników badań archeozoologicznych szczątków bydła – gatunku najliczniej reprezentowanego w analizowanych zbiorach osteologicznych. Materiał pochodzi z trzech stanowisk należących do średniowiecznej (XII – 2. poł. XIII w.) sieci osadniczej w rejonie Sanoka: Sanoka-Białej Góry (stan. 1, „Zamczysko”), Trepczy (stan. 2, „Horodyszcze”) oraz „Wzgórza Zamkowego” w Sanoku. Analizie poddano materiały kostne pochodzące z zespołów grodowych, położonych przy szlaku komunikacyjnym łączącym Ruś Halicką z Węgrami.

Badania archeozoologiczne oparto na tradycyjnych metodach, uzupełnionych o cementochronologię oraz analizy stabilnych izotopów węgla ($\delta^{13}\text{C}$) i azotu ($\delta^{15}\text{N}$). Umożliwia to rekonstrukcję sezonowości uboju oraz sposobów żywienia i utrzymania stad bydła. Dokonano oceny wieku uboju i płci zwierząt, przeprowadzono analizy osteometryczne oraz identyfikację śladów działalności człowieka zachowanych na powierzchniach kości. Wyniki uzyskane dla rejonu Sanoka zestawiono z danymi z innych średniowiecznych stanowisk położonych na terenie pogranicza polsko-ruskiego. Pozwoliło to na określenie specyfiki lokalnej gospodarki hodowlanej na tle szerszych procesów osadniczych i handlowych strefy przygranicznej.

Słowa kluczowe: szczątki zwierzęce, archeozoologia, cementochronologia, stabilne izotopy, pogranicze polsko-ruskie, średniowiecze

Zespoły fauny w osadach Jaskini pod Oknem, Wyżyna Krakowsko-Częstochowska

Marcin Szymanek¹, Claudio Berto², Małgorzata Kot³

¹Uniwersytet Warszawski, Wydział Geologii

²Uniwersytet Warszawski, Wydział Archeologii

³Uniwersytet Warszawski, Centrum Nowych Technologii

W trakcie prac terenowych w Jaskini Pod Oknem (znanej również jako Wisieluch lub Jaskinia pod Bramą w Jastrzębniku), w latach 2015-2017 i 2022, udokumentowano ponad trzymetrowy profil osadów plejstocenu (MIS 3-MIS 2) zawierający ślady działalności człowieka związane z kulturą grawecką (datowane na 29-27 ka calBP). Znaleźskom tym towarzyszyły szczątki kręgowców: *Ursus spelaeus ingressus*, *Ursus* sp., *Vulpes lagopus*, *Vulpes vulpes*, *Canis lupus*, *Rangifer tarandus* i *Equus ferus*, reprezentujące tzw. „step mamutowy”. Zespół drobnych kręgowców obejmował m.in. *Stenocranius anglicus*, *Lemmus lemmus* oraz *Dicrostonyx torquatus*, typowe dla środowiska stepo-tundry i późnego plejstocenu (MIS 3). W osadach znaleziono też pojedyncze muszle ciepłolubnego ślimaka *Discus rotundatus*, ale bardzo dobry stan zachowania muszli wskazuje na współczesne zabrudzenie. W wyższej części profilu frekwencja malakofauny rośnie (choć zespół nie jest liczny). Zespół obejmuje gatunki typowe dla późnego plejstocenu, ze szczególnie liczny reliktem glacialnym *Vallonia tenuilabris*. Skład fauny z *V. tenuilabris*, *Semilimax kotulae* i *Discus ruderratus* wskazuje na mozaikę terenów otwartych i luźnych zbiorowisk leśnych, iglastych. Wśród kręgowców, w górnej części profilu, materiał wydaje się obejmować wymieszany materiał plejstoceni (MIS 2) i wczesno-holoceni.

Badania były finansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki, projekt nr 2020/39/B/HS3/00932 (kierownik Claudio Berto).

Faunal assemblages in Pod Oknem Cave, Kraków-Częstochowa Upland

Marcin Szymanek¹, Claudio Berto², Małgorzata Kot³

¹*University of Warsaw, Faculty of Geology*

²*University of Warsaw, Faculty of Archaeology*

³*University of Warsaw, Centre of New Technologies*

Fieldworks in Pod Oknem Cave (known also as Wisieluch Cave or as Jaskinia pod Bramą w Jastrzębniku), conducted in 2015-2017 and 2022 unearthed an over 3m-thick profile of MIS 3-MIS 2 Pleistocene deposits containing signs of Upper Palaeolithic human activity (Late Gravettian, 29-27 ka calBP). These findings were associated with vertebrate remains including *Ursus spelaeus ingressus*, *Ursus* sp., *Vulpes lagopus*, *Vulpes vulpes*, *Canis lupus*, *Rangifer tarandus* and *Equus ferus*, characteristic of a mammoth-steppe fauna. The small mammal assemblage comprised among others *Stenocranius anglicus*, *Lemmus lemmus* and *Dicrostonyx torquatus*, typical of steppe-tundra environments and Polish Late Pleistocene (MIS 3). Single shells of warmth-demanding snail *Discus rotundatus* were also found in the deposits, but good state of preservation may indicate a recent pollution. In the upper part of the sequence the frequency of malacofauna increases, however the assemblage is rather poor. It comprises species typical of Late Pleistocene with abundant glacial relic *Vallonia tenuilabris*. Faunal composition with *V. tenuilabris*, *Semilimax kotulae* and *Discus ruderatus* indicates a mosaic of open environments and sparse coniferous forests. Vertebrate remains in the upper part of the profile appear to include mixed Pleistocene (MIS 2) and Early Holocene material.

This research was funded by the Polish National Science Centre grant 2020/39/B/HS3/00932 to CB.

Drapieżniki w antropocenie: wstępne wyniki badań zmian kształtu czaszki łasicowatych w czasie

Anna Wereszczuk¹, Luke E. Meade², Stephan Lautenschlager², Karol Zub¹,

Andrzej Zalewski¹

¹*Mammal Research Institute Polish Academy of Sciences, Stoczek 1, Białowieża, Poland*

²*School of Geography, Earth & Environmental Sciences, University of Birmingham, Birmingham, UK*

Zmiany klimatyczne i środowiskowe zmieniają warunki życia zwierząt, wpływając na reżimy termiczne, dostępność zasobów oraz funkcjonowanie ekosystemów. Zrozumienie, w jaki sposób ssaki reagują na te zmiany, ma szczególne znaczenie w antropocenie, ponieważ ich rosnące tempo i skala mogą stanowić wyzwanie dla zdolności adaptacyjnych zwierząt. Jednym ze sposobów, w jaki zwierzęta reagują na zachodzące zmiany środowiskowe, jest dostosowanie strategii pozyskiwania pokarmu w celu wykorzystania nowych lub łatwiej dostępnych zasobów. Na przykład, wraz ze wzrostem produkcji pierwotnej oraz większą i dłuższą dostępnością pokarmów pochodzenia roślinnego, takich jak nasiona i owoce, drapieżniki o oportunistycznej diecie mogą odżywiać się nimi w większym stopniu. Taka zmiana diety wywołuje dostosowanie mięśni odpowiedzialnych za przyjmowanie określonego rodzaju pokarmu, a ich rozwój (lub zanik) kształtuje następnie budowę czaszki.

Aby zbadać, w jaki sposób kształt czaszki i rozwój mięśni odpowiedzialnych za siłę zgryzu są powiązane z dietą w perspektywie długoterminowej, przeanalizowaliśmy kształt czaszki trzech gatunków z rodziny łasicowatych o różnych strategiach żywieniowych: kuny leśnej (*Martes martes*), tchórza (*Mustela putorius*) i łasicy (*Mustela nivalis*). Porównaliśmy historyczne okazy muzealne z lat 1960–1975 ze współczesnymi okazami z ostatnich 20 lat pochodzące z północno-wschodniej Polski, wykorzystując skanowanie mikro-CT i modelowanie 3D, a także morfometrię geometryczną. Analiza stosunków izotopów stabilnych ($\delta^{13}\text{C}$ i $\delta^{15}\text{N}$) umożliwiła uzyskanie historycznej perspektywy zróżnicowania diety i jego potencjalnych zmian.

Wstępne analizy z wykorzystaniem morfometrii geometrycznej ujawniły różne wzorce zmienności czasowej i płciowej w kształcie czaszki wśród łasicowatych. Kształt czaszki różnił się znacząco między historycznymi a współczesnymi okazami kuny leśnej, podczas gdy u tchórzy i łasic nie zaobserwowano istotnych różnic w czasie. Jednak u wszystkich gatunków wykryto interakcję między badanym okresem a płcią, co sugeruje, że kształt czaszki łasicowatych może się zmieniać w różnych kierunkach w zależności od płci. Wstępne wyniki dostarczają pierwszych obserwacji zmian kształtu czaszki w czasie u różnych gatunków łasicowatych. Dalsze analizy będą miały na celu zbadanie czy zmiany te mogą być związane z szeregiem czynników klimatycznych i środowiskowych.

Carnivores in the Anthropocene: how have the skulls of mustelids changed over time?

Preliminary results

Anna Wereszczuk¹, Luke E. Meade², Stephan Lautenschlager², Karol Zub¹,
Andrzej Zalewski¹

¹*Mammal Research Institute Polish Academy of Sciences, Stoczek 1, Białowieża, Poland*

²*School of Geography, Earth & Environmental Sciences, University of Birmingham, Birmingham, UK*

Climate and environmental change are rapidly altering the conditions in which animals live, affecting thermal regimes, resource availability and ecosystem functioning. Understanding how mammals respond to these changes is particularly important in the Anthropocene, as their increasing rate and magnitude may challenge animals' capacity to adapt. One way in which animals respond to ongoing environmental changes is by adapting their foraging strategies to exploit new or more readily available resources. For example, as primary production increases and plant-based foods such as seeds and fruits become more readily and consistently available, opportunistic carnivores may increase the proportion of such foods in their diet. This dietary change is followed by adaptations in the muscles used to intake a specific type of food, and the development (or reduction) of these muscles shapes the skull.

To investigate how skull shape and cranial musculature are related to diet over the long term, we analysed skull shape in three mustelid species with different dietary strategies, pine marten (*Martes martes*), polecat (*Mustela putorius*) and weasel (*Mustela nivalis*). We compared historical museum specimens from 1960–1975 with modern specimens from the last 20 years originating from north-eastern Poland using microCT scanning and 3D modelling, as well as geometric morphometrics. A historical perspective on dietary variation and potential dietary shifts was provided by analysing stable isotope data ($\delta^{13}\text{C}$ and $\delta^{15}\text{N}$).

Preliminary geometric morphometric analyses revealed different patterns of temporal and sexual variation in cranial shape among mustelids. Cranial shape differed significantly between historical and modern pine marten specimens, whereas no significant temporal differences were observed in polecats or weasels. However, an interaction between period and sex was detected in all species, suggesting that ecological responses may vary between males and females. These preliminary results provide the first insights into temporal changes in skull shape across different mustelid species. Further analyses will investigate whether these changes may be associated with a range of climatic and environmental factors.

Populacje mamuta włochatego i społeczności łowiecko-zbierackie w późnym plejstocenie Europy Środkowej

Jarosław Wilczyński^{1*}, Martin Novák², Marc Händel³

¹*Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt, Polska Akademia Nauk, Kraków, Polska*

²*Institute of Archaeology, Brno, Czech Academy of Sciences, Brno, Czech Republic*

³*Austrian Archaeological Institute, Austrian Academy of Sciences, Vienna*

*email: wilczynski@isez.pan.krakow.pl

Odkrycie dużych nagromadzeń szczątków mamutów włochatych wraz z artefaktami z górnego paleolitu fascynuje zarówno badaczy, jak i opinię publiczną już od XIX wieku. Pomimo wieloletnich badań naukowych i sporów, nasza wiedza na temat tych stanowisk oraz relacji między mamutami a łowcami-zbieraczami z górnego paleolitu pozostaje niekompletna. W ostatnim czasie prowadzone są intensywne badania materiałów obejmujących pełen zakres chronologiczny tego zjawiska archeologicznego (35 000-25 000 lat temu), uwzględniając zarówno istniejące zbiory, jak i nowe badania terenowe. Niniejsza uwaga dotyczy kluczowych stanowisk tego okresu tj.: Dolní Věstonice I (Czechy), Kraków Spadzista (Polska) i Langmannersdorf (Austria).

Moje wystąpienie będzie dotyczyło stanowisk zawierających nagromadzeniach szczątków mamutów odkrytych na obszarze Karpat Zachodnich i będzie koncentrowało się na próbach wyjaśnienia przyczyn powstania i funkcji jaką struktury te pełniły dla grup łowców-zbieraczy w okresie znaczących zmian kulturowych i środowiskowych związanych ze zbliżającym się maksimum ostatniego zlodowacenia. Wystąpienie moje będzie dotyczyło zarówno wyników samych badań wykopaliskowych, jak również najnowszych wyników analiz laboratoryjnych (w szczególności aDNA oraz badań izotopowych), mających ogromny wpływ nie tylko na badania górnego paleolitu w Europie Środkowej, ale w skali ogólnej przyczyniają się również do lepszego zrozumienia zachowań człowieka i jego adaptacji do dynamicznie zmieniających się warunków klimatycznych i środowiskowych.

Badania były finansowane ze środków projektu MAMBA (nr umowy o dotację 101045245) finansowanego przez Europejską Radę ds. Badań Naukowych.

Woolly mammoths population and hunter-gatherer societies in the Late Pleistocene of Central Europe

Jarosław Wilczyński¹, Martin Novák², Marc Händel³

¹ *Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt, Polska Akademia Nauk, Kraków, Polska;*

² *Institute of Archaeology, Brno, Czech Academy of Sciences, Brno, Czech Republic*

³ *Austrian Archaeological Institute, Austrian Academy of Sciences, Vienna*

**email: wilczynski@isez.pan.krakow.pl*

The discovery of large accumulations of woolly mammoth remains, along with artifacts from the Upper Paleolithic, has fascinated both researchers and the public since the 19th century. Despite years of scientific research and debate, our knowledge of these sites and the relationship between mammoths and Upper Paleolithic hunter-gatherers remains incomplete. Recently, intensive research has been conducted on materials covering the full chronological scope of this archaeological phenomenon (35,000-25,000 years ago), taking into account both existing collections and new fieldwork. This note focuses on key sites from this period: Dolní Věstonice I (Czech Republic), Kraków Spadzista (Poland), and Langmannersdorf (Austria).

My presentation will focus on sites containing accumulations of mammoth remains discovered in the Western Carpathians and will focus on attempts to explain the causes and functions of these structures for hunter-gatherer groups – a period of significant cultural, and environmental changes approaching the LGM (Last Glacial Maximum). My presentation will address both the results of the excavations themselves, and the latest laboratory analyses (particularly aDNA and isotope studies), which have a profound impact not only on Upper Paleolithic research in Central Europe but also contribute to a broader understanding of human behavior and adaptation to dynamically changing climatic and environmental conditions.

The studies were supported by the MAMBA project (grant agreement no. 101045245) funded by the European Research Council.

Od potrawki z zająca do steku z mamuta: dwa modele strategii przetrwania łowców-zbieraczy okresu graweckiego

Piotr Wojtal, Jarosław Wilczyński

*Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt Polskiej Akademii Nauk, Sławkowska 17, 31-016
Kraków; e-mail: wojtal@isez.pan.krakow.pl, wilczyński@isez.pan.krakow.pl*

Między 31 a 24 tysiącami lat temu, wraz z gwałtownymi zmianami klimatu i ekspansją lądolodu skandynawskiego, na niemal całym kontynencie europejskim doszło do wyraźnych zmian w społecznościach łowców-zbieraczy. Nastąpiło znaczące ujednolicenie kulturowe, które doprowadziło do powstania szeroko rozprzestrzenionego tzw. technokompleksu graweckiego. Przez kolejne tysiąclecia społeczności graweckich łowców-zbieraczy zajmowały rozległe obszary Europy, obejmujące miliony kilometrów kwadratowych od Oceanu Atlantyckiego po Niziny Rosyjskie. W Europie Zachodniej znaleziska związane z kulturą grawecką znane są głównie z jaskiń, podczas gdy w Europie Środkowej i Wschodniej przeważają rozległe otwarte stanowiska. Kultura grawecka ewoluowała przez kilka odrębnych faz, naznaczonych zmianami technologicznymi i rozwojem społeczno-kulturowym. W Europie Środkowej najbardziej znane otwarte stanowiska kultury graweckiej znajdują się w Austrii, Czechach, Słowacji i Polsce. Przedmiotem naszych badań były szczątki zwierzęce odkryte na stanowiskach należących do dwóch faz kultury graweckiej: pawłowskiej (~31-29 tys. lat temu) i późnograweckiej (~29-24 tys. lat temu). Nasze badania zooarcheologiczne z tych środkowoeuropejskich stanowisk dostarczają wglądu w sposoby życia społeczności łowców-zbieraczy. Badania pozwalają na rekonstrukcję i porównanie strategii przetrwania oraz wykorzystania zasobów zwierzęcych na różnych stanowiskach i w różnych fazach kultury graweckiej. Analizowany materiał osteologiczny pochodzi ze stanowisk pawłowskich: Dolní Věstonice I i II, Pavlov I, II i VI (Czechy), a także ze stanowisk późnograweckich: Kraków Spadzista i Jaksice II (Polska), Willendorf II (Austria) oraz Moravany-Lopata II (Słowacja). Wyniki wskazują, że w zespołach pawłowskich z południowych Moraw (Czechy) obecne są zarówno zwierzęta małe (ptaki, zające, lisy), średniej wielkości (wilki, renifery, rosomaki), jak również duże ssaki (niedźwiedzie, lwy jaskiniowe, konie, mamuty), co świadczy o szerokim spektrum ofiar paleolitycznych myśliwych. Warto zauważyć, że na stanowiskach morawskich zachowały się ślady cięcia pozostawione podczas podziału tuszy upolowanych drapieżników: małych (lisy), średnich (wilki, rosomaki) i dużych (niedźwiedzie, lwy jaskiniowe). Ssaki te stanowiły dla społeczności graweckich nie tylko źródło skór, lecz także mięsa. W przeciwieństwie do wcześniejszej fazy, stanowiska późnograweckie wykazują wyraźną specjalizację łowiecką. Na stanowiskach Kraków Spadzista i Jaksice z Polski, Milovice I (Czechy), Moravany-Lopata II (Słowacja) oraz Willendorf II (Austria), dominują szczątki mamutów i reniferów. Kolejne rozróżnienie dotyczy użytkowania stanowisk: stanowiska pawłowskie były zajmowane przez dłuższy czas i funkcjonowały jako osady półstałe, podczas gdy stanowiska późnograweckie odzwierciedlają raczej krótkotrwałe osadnictwo.

Nasze badania pokazują wyraźną zmianę w modelu życia społeczności graweckich – od wykorzystania różnorodnych źródeł mięsa do specjalizacji łowieckiej oraz od funkcjonowania półstałych osad do krótkotrwałych obozowisk. Dostarczają wglądu w życie łowców-zbieraczy epoki lodowcowej w Europie Środkowej.

From Hare Stew to Mammoth Steak: Two Subsistence Models of Gravettian Hunter-Gatherers

Piotr Wojtal, Jarosław Wilczyński

Institute of Systematics and Evolution of Animals Polish Academy of Sciences, Sławkowska 17, 31-016 Kraków, Poland; e-mail: wojtal@isez.pan.krakow.pl, wilczyński@isez.pan.krakow.pl

Between 31-24 ka cal BP, as climate rapidly changed and the Scandinavian ice sheet expanded, a striking cultural unification occurred across nearly the entire European continent. Beyond the changing paleoenvironments, human societies underwent a profound transformation. A considerable cultural unification occurred, which resulted in the origin of the widespread so called Gravettian technocomplex. Over the following millennia, Gravettian hunter-gatherers occupied vast regions of Europe, spanning several million square kilometers from the Atlantic Ocean to the Russian plains. In western Europe, the Gravettian is mostly known from cave sites, whereas in Central and Eastern Europe, large open-air sites are more prevalent. The Gravettian culture evolved through several distinct phases, marked by shifts in technology and socio-cultural development.

In Central Europe, the best known Gravettian open-air sites are located in Austria, Czechia, Slovakia, and Poland. The subject of our study are osteological materials discovered on sites belonging to two variants of Gravettian culture: Pavlovian (~31-29 ka cal BP) and Late Gravettian (~29-24 ka cal BP). Our zooarchaeological studies of avian and mammalian remains from these Central European sites offer insights into human lifeways. The studies allow us to reconstruct and compare subsistence strategies and animal resources across sites and phases of the Gravettian. The analysed osteological material originates from Pavlovian sites: Dolní Věstonice I and II, Pavlov I, II, and VI (Czechia), as well as Late Gravettian sites: Kraków Spadzista and Jaksice II (Poland), Willendorf II (Austria), and Moravany-Lopata II (Slovakia). The results indicate that the Pavlovian assemblages from South Moravia (Czechia) are dominated by small (birds, hares, foxes) and medium sized animals (wolves, reindeer, wolverines), while large mammals (bears, cave lions, horses, mammoths) are also present, demonstrating a broad prey spectrum. Notably, at Moravian sites are preserved cut marks produced during carcass dismemberment on range of carnivores taxons, small (foxes), medium (wolves, wolverines) and large (bears, cave lions), indicating that these group of mammals also served as a meat resources for Gravettian people.

In contrast to earlier phase, Late Gravettian localities exhibit an apparent trend towards hunting specialization. Clear exemplars are the sites Kraków Spadzista and Jaksice from Poland, Milovice I (Czechia), Moravany-Lopata II (Slovakia) And Willendorf II (Austria), where mammoth and reindeer remains dominate the osteological assemblages. A further distinction concerns site use: Pavlovian sites were occupied for longer periods and functioned as semi-permanent settlements, whereas Late Gravettian localities tend to reflect short-term occupations.

Our studies demonstrate a clear shift in Gravettian lifeways, from a broad-spectrum use of food resources to hunting specialisation, and from semi-permanent settlements to short-term camps, and provide insights into the lives of Ice Age hunter-gatherers in Central Europe.

Historia ewolucyjna suhaka stepowego (*Saiga tatarica*) na podstawie analizy kopalnego DNA

Aleksandra Żeromska^{1,2}, Mateusz Baca³, Danijela Popović³, Urszula Ratajczak-Skrzatek⁴,
Krzysztof Stefaniak⁴, Adam Nadachowski⁵, Paula F. Campos⁶, Alexandru Petculescu⁷,
Magdalena Krajcarz⁸, Oleksandr Kovalchuk⁴, Victoria Smagol⁹, Bogdan Ridush¹⁰,
Paweł Mackiewicz²

¹ Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Polska

² Wydział Biotechnologii, Uniwersytet Wrocławski, Polska

³ Centrum Nowych Technologii, Uniwersytet Warszawski, Polska

⁴ Instytut Biologii Środowiskowej, Uniwersytet Wrocławski, Polska

⁵ Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt Polskiej Akademii Nauk, Kraków, Polska

⁶ Centro Interdisciplinar de Investigação Marinha e Ambiental, Universidade do Porto, Matosinhos, Portugal

⁷ Emil Racoviță Institute of Speleology, Romanian Academy, Bucharest, Romania

⁸ Wydział Nauk Historycznych, Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Toruń, Polska

⁹ National Museum of Natural History, NAS of Ukraine, Kyiv, Ukraine

¹⁰ Yuriy Fedkovych Chernivtsi National University, Chernivtsi, Ukraine

Suhak stepowy (*Saiga tatarica*), niewielka antylopa stepowa i relikwit epoki lodowcowej obecnie klasyfikowany jako gatunek bliski zagrożenia, jest ograniczony do kilku populacji w Azji Środkowej, co sprawia, że jego badanie stanowi priorytet zarówno pod kątem ochrony przyrody, jak i badań ewolucyjnych. Choć jego współczesny zasięg jest silnie ograniczony, w plejstocenie gatunek ten występował powszechnie w środkowej i północnej Eurazji, sięgając aż do Ameryki Północnej. Aby wyjaśnić historię ewolucyjną tego gatunku oraz jego czasoprzestrzenną zmienność genetyczną, przeanalizowaliśmy 112 genomów mitochondrialnych i 278 sekwencji regionu kontrolnego, reprezentujących pełny historyczny i współczesny zasięg holarktyczny suhaka. Nasze analizy wykazały, że współczesne suhaki wywodzą się z heterogenicznej grupy co najmniej pięciu dawnych linii, które uległy dywergencji w okresie MIS4 (75–55 tys. lat temu), po pierwotnym rozejściu się linii ponad 150 tys. lat temu w Azji Północno-Wschodniej wraz z wymarłymi obecnie liniami europejskimi. Analizy wykazały odrębny status podgatunkowy populacji mongolskiej (*S. t. mongolica*), która oddzieliła się ~15 tys. lat temu, oraz pozwala powiązać kolonizację Kanady ~27 tys. lat temu z linią syberyjską (~33 tys. lat temu). Duże wymieszanie sekwencji wskazuje, że plejstoceńskie suhaki funkcjonowały jako ogromna, połączona ze sobą metapopulacja z płynnym przepływem genów na obszarze stepu mamuciego, choć ich efektywna wielkość populacji ulegała wahaniom wraz ze zmianami klimatu. Liczebność populacji pozostawała wysoka i stabilna podczas ciepłego interwału MIS3, załamała się wraz z nadejściem zimnego okresu MIS2 oraz ponownie wyraźnie spadła po LGM (Maksimum Ostatniego Zlodowacenia) i w trakcie ciepłego okresu MIS1 (9–6 tys. lat temu). Zmiany te odzwierciedlają uwarunkowane klimatycznie kurczenie się ekosystemu stepowo-tundrowego, ograniczanego przez lądolody i akumulację śniegu podczas ochłodzeń, a także przez ekspansję lasów, rosnącą wilgotność i bariery rzeczne z wód topniejących lodowców podczas okresów ciepłych.

Praca została sfinansowana przez Narodowe Centrum Nauki (Polska) w ramach grantu nr 2020/37/B/NZ8/02595.

Evolutionary history of saiga antelope (*Saiga tatarica*) based on ancient DNA analysis

Aleksandra Żeromska^{1,2}, Mateusz Baca³, Danijela Popović³, Urszula Ratajczak-Skrzatek⁴,
Krzysztof Stefaniak⁴, Adam Nadachowski⁵, Paula F. Campos⁶, Alexandru Petculescu⁷,
Magdalena Krajcarz⁸, Oleksandr Kovalchuk⁴, Victoria Smagol⁹, Bogdan Ridush¹⁰,
Paweł Mackiewicz²

¹ Faculty of Biology and Animal Breeding, Wrocław University of Environmental and Life Sciences, Poland

² Faculty of Biotechnology, University of Wrocław, Poland

³ Centre of New Technologies, University of Warsaw, Poland

⁴ Institute of Environmental Biology, University of Wrocław, Poland

⁵ Institute of Systematics and Evolution of Animals, Polish Academy of Sciences, Kraków, Poland

⁶ Centro Interdisciplinar de Investigação Marinha e Ambiental, Universidade do Porto, Matosinhos, Portugal

⁷ Emil Racoviță Institute of Speleology, Romanian Academy, Bucharest, Romania

⁸ Faculty of History, Nicolaus Copernicus University, Toruń, Poland

⁹ National Museum of Natural History, NAS of Ukraine, Kyiv, Ukraine

¹⁰ Yuriy Fedkovych Chernivtsi National University, Chernivtsi, Ukraine

The saiga (*Saiga tatarica*), a small steppe antelope and Ice Age relic currently classified as Near Threatened, is restricted to fragmented populations across Central Asia, making its study a top conservation and evolutionary priority. Although its modern distribution is severely constrained, the species ranged extensively across central and northern Eurasia into North America during the Pleistocene. To resolve the species' evolutionary trajectory and spatiotemporal genetic diversity, we analyzed 112 mitochondrial genomes and 278 control region sequences representing the saiga's complete historical and contemporary Holarctic distribution. Our analyses demonstrate that modern saigas descend from a heterogeneous assemblage of at least five ancient lineages that diverged during the MIS4 period (75–55 ka), following an initial divergence >150 ka in Northeast Asia alongside now-extinct European lines. Analyses confirm the distinct subspecies status of the Mongolian population (*S. t. mongolica*), which split ~15 ka, and trace a Canadian colonization ~27 ka back to a Siberian lineage (~33 ka). Widespread sequence intermixing shows that Pleistocene saigas operated as a vast, interconnected metapopulation with fluid gene flow across the mammoth steppe, though their effective population size fluctuated alongside climate changes. Population levels remained large and stable during the warm MIS3 interval, crashed during the onset of cold MIS2, and dropped markedly again post-LGM and throughout the warm MIS1 period (9–6 ka). These shifts reflect the climate-driven contraction of the steppe-tundra ecosystem, constrained by ice sheets and snow accumulation during cold spells, and by afforestation, rising humidity, and glacial meltwater river barriers during warm intervals.

This work was supported by the National Science Centre Poland (Narodowe Centrum Nauki, Polska) under Grant no. 2020/37/B/NZ8/02595.

Postery/Posters

Za kulisami datowania radiowęglowego: preparatyka próbek w LBC14 UMCS

Katarzyna Burdzy¹, Irka Hajdas^{2,3}, Magdalena Suchora¹, Jarosław Pietruczuk¹,
Irena Agnieszka Pidek¹, Radosław Dobrowolski¹, Piotr Łuczkiwicz⁴, Monika Maziarczuk⁴

¹ *Instytut Nauk o Ziemi i Środowisku, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, al. Kraśnicka 2d, 20-718 Lublin, Polska*

² *Ecotech-Complex, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, ul. Głęboka 39, 20-612 Lublin, Polska*

³ *Ion Beam Physics, ETH, Zurich, Otto-Stern Weg 5, 8093 Zurich, Szwajcaria*

⁴ *Instytut Archeologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, pl. M. Curie-Skłodowskiej 4A, 20-031 Lublin, Polska*

Wiarygodność datowania radiowęglowego kształtuje się jeszcze przed rozpoczęciem pomiaru izotopowego. Za końcową datą, przedstawianą zwykle jako wynik analityczny i punkt na osi czasu, kryje się szereg decyzji podejmowanych „za kulisami”: od wyboru materiału i rozpoznania jego potencjału do datowania, po zastosowanie procedur oczyszczania pozwalających skutecznie oddzielić węgiel pierwotny od zanieczyszczeń węglem egzogennym. Preparatyka próbek nie jest więc etapem pomocniczym, lecz integralną częścią procesu badawczego, bezpośrednio wpływającą na dokładność, precyzję i interpretacyjną wartość uzyskiwanych wyników ¹⁴C.

LBC14 - Laboratorium Preparatyki do Datowań Radiowęglowych Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie tworzy zaplecze dla przygotowania materiału do analizy radiowęglowej. Jego działalność koncentruje się na ocenie, selekcji i preparatyce próbek o różnym pochodzeniu, stopniu zachowania i kontaminacji. Zakres opracowywanych materiałów obejmuje m.in. drewno, węgiel drzewny, torf, osady organiczne, makroszczątki oraz kości niespalone i skremowane. Zróżnicowanie materiałów wymaga indywidualnego podejścia, łączącego obserwacje mikroskopowe, oczyszczanie mechaniczne oraz dobranie odpowiedniej do typu próbki procedury chemicznej.

Stosowane w LBC14 protokoły obejmują m.in. przygotowanie materii organicznej metodą ABA (Acid-Base-Acid), ekstrakcję i ultrafiltrację kolagenu oraz preparatykę frakcji mineralnej materiału kości skremowanych (Burdzy i in., 2026; Hajdas i in., 2024). Istotnym elementem pracy laboratorium jest kontrola jakości, oparta na wykorzystaniu wzorców, prób ślepych i weryfikacji skuteczności procedur we współpracy z laboratorium AMS, ETH w Zurichu. Ujawnienie tych laboratoryjnych „kulis” pozwala lepiej zrozumieć, że wiarygodna data radiowęglowa nie jest wyłącznie rezultatem pomiaru, lecz efektem całego łańcucha działań poprzedzających analizę ¹⁴C.

Behind the scenes of radiocarbon dating: sample preparation at LBC14 UMCS

Katarzyna Burdzy¹, Irka Hajdas^{2,3}, Magdalena Suchora¹, Jarosław Pietruczuk¹,
Irena Agnieszka Pidek¹, Radosław Dobrowolski¹, Piotr Łuczkiewicz⁴, Monika Maziarczuk⁴

¹ *Institute of Earth and Environmental Sciences, Maria Curie-Skłodowska University, al. Kraśnicka 2d, 20-718 Lublin, Poland*

² *Ecotech-Complex, Maria Curie-Skłodowska University, Głęboka 39, 20-612 Lublin, Poland*

³ *Ion Beam Physics, ETH, Zurich, Otto-Stern Weg 5, 8093 Zurich, Switzerland*

⁴ *Institute of Archaeology, Maria Curie-Skłodowska University, M. Curie-Skłodowska Sq. 4A, 20-031 Lublin, Poland*

The reliability of radiocarbon dating is determined even before the isotopic measurement begins. Behind the final date, usually presented as an analytical result and a point on a timeline, lies a series of decisions made “behind the scenes”: from the selection of material and assessment of its dating potential, to the application of purification procedures that effectively separate primary carbon from exogenous carbon contaminants. Sample preparation is therefore not merely an auxiliary stage, but an integral part of the research process, directly affecting the accuracy, precision, and interpretative value of the obtained ¹⁴C results.

LBC14 - Laboratory of Preparation for Radiocarbon Dating at Maria Curie-Skłodowska University in Lublin provides facilities for preparing material for radiocarbon analysis. Its activities focus on the assessment, selection, and preparation of samples of different origin, preservation state, and degree of contamination. The range of materials processed includes, among others, wood, charcoal, peat, organic sediments, macrofossils, and unburnt and cremated bones. The diversity of materials requires an individual approach combining microscopic observations, mechanical cleaning, and the selection of a chemical procedure appropriate to the sample type.

The protocols used at LBC14 include: the preparation of organic matter using the ABA (Acid-Base-Acid) method, collagen extraction and ultrafiltration, and preparation of the mineral fraction of cremated bone material (Burdzy et al., 2026; Hajdas et al., 2024). Quality control is an important element of laboratory work and is based on the use of standards, blanks, and verification of procedure effectiveness in cooperation with the AMS laboratory at ETH Zurich. Revealing these “behind-the-scenes” laboratory processes makes it easier to understand that a reliable radiocarbon date is not solely the result of measurement, but the outcome of an entire chain of activities preceding ¹⁴C analysis.

Literatura/References:

- Burdzy, K., Hajdas, I., Maziarczuk, M., Suchora, M., Lehmann-Konera, S., Pietruczuk, J., Pidek, I. A., Dobrowolski, R., Łuczkiewicz, P., Haghipour, N., Ramsperger, U., 2026. A new ¹⁴C sample treatment laboratory at the Maria Curie-Skłodowska University, Lublin, PL. Radiocarbon. doi:10.1017/RDC.2026.10235.
- Hajdas, I., Guidobaldi, G., Haghipour, N., Wyss, K. 2024. Sample selection, characterization and choice of treatment for accurate radiocarbon analysis—Insights from the ETH Laboratory. Radiocarbon 66(5):1152-1165. doi:10.1017/RDC.2024.12.

True shape or false hope?
A critical approach to fossil retro-deformation in R

Luca Ranza^{*}, Małgorzata Tokarska

Mammal Research Institute, Polish Academy of Science, Białowieża

Every scientist that had to deal with the remains of ancient life had to face common and widespread phenomena: the deformations and distortions that fossils are subjected to, due to various taphonomical and geological conditions.

In many cases the specimens appear completely unrecognizable, and this often hinders proper analysis. Since recently, the work of restoring the remains to their original anatomical shape has been carried out with an artistic approach, involving methods and materials that are subjected to the skills and knowledge of the person responsible for the reconstruction, rather than established and reliable protocols. This, in time, produced confusion about the actual morphology of many different taxa, leading to conflicting interpretations about their taxonomy, ecology, and anatomy.

In recent years we are witnessing the rise of many informatic tools developed exclusively for the analysis of complex shape, drawing from the field of 3D morphometry. One of these tools promises to provide reliable ways to retro-deform a 3D scanned specimen, with the use of a Thin Plate Spline approach.

In this work I will test the accuracy and reliability of these methods by applying them to the cranium of the European bison, *Bison bonasus*. The overall anatomy and proportions of this species are well known and documented; furthermore, the opportunity to consult the massive collection of 3D scanned specimens from the Mammal Research Institute PAS database provides us with a solid corpus of references.

In this work, 3 complete bison skulls (randomly selected) have been landmarked, subsequently they have been artificially deformed in Blender, in order to match some of the most usual deformations that specimens suffer during taphonomical processes, then the misshapen skulls underwent the process of retro-deformation using the package morpho in RStudio. Finally, the meshes so obtained have been landmarked again, in order to assess the amount of residual variance of the retro-deformed skulls with their original counterparts.

This fast exercise allows us to quantify approximately the accuracy of the protocol, and, subsequently, if it is really worth the time and the resources that it requires.

Prawdziwy kształt czy złudna nadzieja?

Krytyczne podejście do retrodeformacji skamieniałości w środowisku R

Luca Ranza, Małgorzata Tokarska

Instytut Biologii Ssaków Polskiej Akademii Nauk, Białowieża

Każdy naukowiec zajmujący się szczątkami pradawnego życia musiał zmierzyć się z powszechnymi i szeroko rozpowszechnionymi zjawiskami: deformacjami i zniekształceniami, jakim podlegają skamieniałości w wyniku różnych warunków tafonomicznych i geologicznych.

W wielu przypadkach okazy zdają się całkowicie nie do rozpoznania, co często utrudnia przeprowadzenie właściwej analizy. Od niedawna prace nad przywróceniem szczątkom ich pierwotnego kształtu anatomicznego prowadzone są z artystycznym podejściem, z wykorzystaniem metod i materiałów, które zależą raczej od umiejętności i wiedzy osoby odpowiedzialnej za rekonstrukcję, a nie od ustalonych i sprawdzonych protokołów. Z czasem doprowadziło to do niejasności co do rzeczywistej morfologii wielu różnych taksonów, co z kolei spowodowało sprzeczne interpretacje dotyczące ich taksonomii, ekologii i anatomii.

W ostatnich latach obserwujemy pojawienie się wielu narzędzi informatycznych opracowanych wyłącznie do analizy złożonych kształtów, czerpiących z dziedziny morfometrii 3D. Jedno z tych narzędzi ma zapewnić niezawodne metody retro-deformacji skanowanego w 3D okazu przy użyciu metody Thin Plate Spline (TPS; Splajn Cienkiej Płytki).

W niniejszej pracy przetestuję dokładność i wiarygodność tych metod, stosując je do czaszek żubra europejskiego (*Bison bonasus*). Ogólna anatomia i proporcje tego gatunku są dobrze znane i udokumentowane; ponadto możliwość korzystania z ogromnej kolekcji skanowanych w 3D okazów z bazy danych Instytutu Biologii Ssaków PAN zapewnia solidny zbiór punktów odniesienia.

W niniejszej pracy na trzech kompletnych czaszkach żubra (wybranych losowo) zaznaczono punkty orientacyjne, a następnie poddano je sztucznej deformacji w programie Blender, tak aby odzwierciedlić niektóre z najczęstszych deformacji, jakim ulegają okazy w trakcie procesów tafonomicznych; następnie zdeformowane czaszki poddano procesowi retrodeformacji przy użyciu pakietu 'morpho' w R. Na koniec na tak uzyskanych siatkach ponownie wyznaczono punkty orientacyjne, aby ocenić wielkość wariancji resztkowej czaszek poddanych retrodeformacji w stosunku do ich pierwotnych odpowiedników.

To szybkie ćwiczenie pozwala nam w przybliżeniu oszacować dokładność protokołu, a co za tym idzie – ustalić, czy rzeczywiście jest on wart poświęconego mu czasu i zasobów.

#Podkreślono imię i nazwisko osoby prezentującej/ The presenter's first name and surname have been highlighted

*Referaty biorące udział w konkursie na najlepszą prezentację ustną w kategorii studenci i doktoranci/ Oral presentations entered in the competition for the best oral presentation in the undergraduates and PhD students category