

W późnym plejstocenie, czyli ostatnim zlodowaceniu na Ziemi zachodziły znacznie większe zmiany klimatyczne od tych, które obserwujemy obecnie. Miały one ogromny wpływ zarówno na florę jak i na faunę. Badając jak gatunki zachowywały się w odpowiedzi na te zmiany możemy też zrozumieć jak zwierzęta i rośliny zachowują się w obliczu zachodzących obecnych zmian klimatu. W niniejszym projekcie planujemy zrekonstruować historie ewolucyjne trzech gatunków gryzoni: nornicy rudej (*Clethrionomys glareolus*), nornika wąskogłowego (*Microtus gregalis*) i nornika północnego (*Microtus oeconomus*), aby sprawdzić w jaki sposób gatunki te reagowały na zmiany klimatu pod koniec ostatniego zlodowacenia i w holocenie, czyli ciepłym okresie, którym obecnie żyjemy. Gatunki te charakteryzują się odmiennymi preferencjami środowiskowymi, dlatego zakładamy, że sposoby ich reakcji na zmiany klimatyczne były odmienne. Planujemy odpowiedzieć na szereg pytań na przykład czy nornice rude przetrwały okres maksimum ostatniego zlodowacenia w refugium karpackim? Czy historia populacji badanych gatunków była różna w wysokich i niskich szerokościach geograficznych? Czy bardzo gwałtowne zmiany klimatu jakie miały miejsce na przełomie plejstocenu i holocenu miały większy wpływ na badane gatunki niż te, które panowały podczas maksimum ostatniego zlodowacenia? Czy morfologia badanych gatunków zmieniała się w podobnym tempie co zmienność genetyczna? Aby odpowiedzieć na powyższe pytania planujemy odczytać sekwencje mitochondrialnego DNA ze szczątków osobników kopalnych i współczesnych oraz wnikliwie przeanalizować morfologię ich zębów. Wcześniejsze badania pokazały, że takie podejście badawcze doskonale nadaje się do rekonstrukcji historii gatunków zwierząt. Analizowane materiały będą pochodziły z wielu stanowisk paleontologicznych w Europie obejmujących okres ostatnich 50 000 lat. Odczytanie sekwencji DNA z okazów kopalnych nie jest jednak łatwe. Zwykle w badanych szczątkach jest go bardzo mało i jest ono silnie pofragmentowane, co więcej w uzyskanym ekstrakcie DNA większość stanowi DNA bakterii i grzybów, które skolonizowały szczątki po śmierci organizmu. Aby przezwyciężyć te trudności zamierzamy zastosować najnowsze techniki polegające na ukierunkowanym wzbogacaniu ekstraktów DNA w poprzez hybrydyzację. Pozwalają one nawet kilkusetkrotnie zwiększyć udział poszukiwanych fragmentów DNA dzięki czemu, stosując sekwencjonowanie wysokoprzepustowe, możliwe będzie odczytanie właściwej sekwencji. Uzyskane dane posłużą do rekonstrukcji drzew filogenetycznych, które obrazują zależności pomiędzy poszczególnymi populacjami. Aby stwierdzić w jaki sposób populacje zmieniały się w czasie poza danymi genetycznymi i morfologicznymi potrzebne są także informacje o wieku analizowanych osobników. Aby określić wiek badanych szczątków zastosujemy metodę datowania radiowęglowego. Informacje o rozmieszczeniu zmienności genetycznej i morfologicznej w czasie i przestrzeni pozwolą nam zrekonstruować migracje populacji, lokalne wymierania i rekolonizacje, określić kiedy liczebność populacji się zwiększała, a kiedy spadała. Zrekonstruowane w ten sposób wydarzenia skonfrontujemy z zapisami paleoklimatu pochodzącymi z grenlandzkich rdzeni lodowych oraz z profili pyłkowych pochodzącymi z osadów jeziornych. W ostatnich latach coraz więcej badań poświęconych było odtwarzaniu reakcji zwierząt na zmiany klimatu. Większość z nich dotyczyła jednak dużych gatunków takich jak mamuty, niedźwiedzie jaskiniowe czy piżmowoly. Badań poświęconych małym ssakom, które stanowią bardzo ważny element każdego ekosystemu, jest ciągle niewiele. Ponadto interesujące wydaje się sprawdzenie jak na zmiany klimatu reagowały całe zespoły gatunków powiązanych siecią zależności w obrębie jednego ekosystemu. Proponowany projekt jest pierwszym krokiem w kierunku wypełnienia tej luki.