

Historia ewolucji, filogenetyka i ekologia łośia (*Alces alces*) są znacznie mniej poznane w porównaniu z innymi dużymi ssakami kopytnymi półkuli północnej, takimi jak jelen ( *Cervus elaphus*) czy rzadki i zagrożony żubr europejski (*Bison bonasus*). Zwłaszcza niewiele wiadomo na temat łośia zamieszkującego Azję, pomimo, że gatunek ten tam wyewoluował. Celem projektu jest zbadanie zróżnicowania genetycznego, określenie siedlisk występowania i odtworzenie zmian zasięgu łośia w okresie ostatnich 50 000 lat z wykorzystaniem interdyscyplinarnych metod badawczych. Odtworzenie filogenetycznego wzorca tego gatunku, od okresu późnego plejstocenu do czasów współczesnych, będzie oparte na analizach mitochondrialnego DNA (mtDNA) pozyskanego z kości i zębów łośi. Na podstawie analiz genetycznych chcemy oszacować czas rozdzielenia się różnych kładów mtDNA łośia w Eurazji, wytypować obszary refugialne, w których gatunek ten mógł przetrwać okres maksimum ostatniego zlodowacenia oraz odtworzyć drogi jego postglacjalnej kolonizacji, a także zmiany jego efektywnej wielkości populacji w czasie ostatnich 50 000 lat w Eurazji. Środowiska zasiedlane przez ten gatunek w przeszłości będą identyfikowane na podstawie analiz stabilnych izotopów węgla i azotu zawartych w kolagenie kostnym badanych osobników. Następnie dane dotyczące zmian zasięgu, zasiedlanych środowisk, zróżnicowania genetycznego i zmian efektywnej wielkości populacji będą porównane ze zmianami klimatu oraz zmianami zasięgów poszczególnych typów roślinności w okresie od późnego plejstocenu.

Stawiamy hipotezę, że w przeszłości zróżnicowanie genetyczne euroazjatyckiego łośia było wyższe, a struktura genetyczna jego populacji była bardziej homogeniczna. Zasięg łośia, jego efektywna wielkość populacji i zróżnicowanie genetyczne zmieniały się w czasie wraz ze zmianami klimatu. W holocenie zasięg łośia znacząco się zmniejszył i gatunek ten zniknął z niektórych obszarów refugialnych, ale prawdopodobnie przetrwał w sposób ciągły we wschodniej części Europy i w Azji. Poza zmianami klimatu również działalność człowieka miała znaczący wpływ na rozmieszczenie i zróżnicowanie genetyczne łośia, zwłaszcza w Europie.

Badania zostaną przeprowadzone z wykorzystaniem nowoczesnych metod badawczych takich jak analizy całych genomów mtDNA łośi, analizy zawartości izotopów stabilnych <sup>13</sup>C i azotu <sup>15</sup>N w kolagenie kostnym, datowanie radiowęglowe metodą AMS oraz analizy przestrzenne z wykorzystaniem Systemów Informacji Geograficznej (GIS). Do badań zostanie wykorzystanych ok. 150 prób zarówno współcześnie żyjących łośi zdeponowane w kolekcji Instytutu Biologii Ssaków PAN (IBS PAN) w Białowieży oraz dodatkowo zebranych z obszarów, gdzie ich różnorodność genetyczna jest największa np. na Uralu i Syberii, jak i szczątki kopalne tego gatunku (ok. 250-300 prób) pochodzące z różnych kolekcji zoologicznych i wykopalisk archeologicznych z Europy i Azji. Badaniem zostaną objęte populacje łośi zamieszkujących Eurazję w ciągu ostatnich 50 000 lat czyli od późnego plejstocenu do czasów współczesnych. Około 120 wybranych prób będzie datowanych radiowęglowo. Końcowym etapem projektu będzie sprawdzenie, czy istnieją korelacje między zmianą zróżnicowania genetycznego i wzorca filogenetycznego, rodzajem siedlisk zajmowanych przez łośie oraz zmianami klimatycznymi w czasie. Przetestujemy różne modele demograficzne i ekologiczne wykorzystujące uzyskane dane i wybierzemy te modele, które w najlepszy sposób wyjaśniają historię ewolucji, zmiany rozmieszczenia i zróżnicowanie genetyczne łośi na obszarze Eurazji.

Według naszej najlepszej wiedzy, niewiele jest badań, które obejmują tak kompleksowe w skali czasu i przestrzeni dane dla gatunku ssaka zamieszkującego Eurazję. Ze względu na swój szeroki zasięg przestrzenny i możliwość adaptacji do różnych warunków środowiskowych, łoś jest dobrym gatunkiem modelowym, który może posłużyć do identyfikacji odpowiednich siedlisk dla innych gatunków strefy borealnej i umiarkowanej, jakie występowały na obszarze Eurazji w czasie ostatnich 50 000 lat, także w czasie maksimum ostatniego zlodowacenia. Wyniki tych badań mogą też posłużyć do prognozowania wpływu obecnie występujących zmian klimatu na te gatunki. Uzyskane dane będą miały także istotne znaczenie w rozwoju badań z zakresu biologii ewolucyjnej oraz oszacowaniu wpływu działalności człowieka na populacje dużych ssaków kopytnych zarówno w dużej skali przestrzennej, jak i czasowej.