

Populacje zwierząt i roślin w procesie ewolucji przystosowują się do warunków, w których żyją. W obliczu zmian klimatu mogą reagować w różny sposób. Mogą je tolerować w ramach swojej plastyczności fenotypowej, mogą zmieniać swój zasięg w poszukiwaniu optymalnych warunków lub adaptować się do nowych. Jeżeli jednak zmiany są zbyt duże lub zbyt szybkie, populacje wymierają. Zrozumienie w jaki sposób populacje reagują na zmiany klimatu i środowiska jest więc bardzo ważne z punktu widzenia ich ochrony, zwłaszcza w obliczu obecnie postępujących przemian klimatycznych. Informację o reakcjach populacji na zmiany klimatu mające miejsce w przeszłości, takich jak zmiany demograficzne czy adaptacyjne, które mogą pomóc w modelowaniu i przewidywaniu reakcji współczesnych populacji, możemy odczytać z genomów współcześnie żyjących osobników. Jednak możliwość wnioskowania na podstawie takich danych jest ograniczona. Wynika to z faktu, że podobne wzory w genomie mogą powstawać w wyniku różnych procesów oraz że następujące po sobie procesy często wymazują sygnał wcześniejszych. Jedną z możliwości wyeliminowania tych ograniczeń jest analiza kopalnego DNA, czyli DNA osobników pochodzących z wykopalisk paleontologicznych. Analiza genomów osobników z różnych okresów daje unikalną możliwość bezpośredniego śledzenia zmian w różnorodności genetycznej populacji i rekonstruowania procesów jakie w nich zachodziły.

W proponowanym projekcie planujemy zrekonstruować odpowiedzi szeregu gatunków norników (*Microtus sp.*) na zmiany klimatu, które miały miejsce w późnym glacie i wczesnym holocenie. Do rekonstrukcji wykorzystamy sekwencje genomów odczytane z kopalnych szczątków tych gatunków. Szczątki norników licznie występują na stanowiskach paleontologicznych i możliwe jest uzyskanie serii okazów obejmujących szereg kolejnych zmian klimatu. Najnowsze metody pozwalają na bezpośrednie datowanie radiowęglowe nawet tak małych próbek jak szczątki norników, dzięki czemu możliwe jest dokładne umiejscowienie zmian populacyjnych na skali czasowej i porównanie ich występowania z dostępnym zapisem paleoklimatu. Wstępne badania Kierownika projektu wykazały też, że zęby trzonowe norników zawierają dobrze zachowany DNA w ilości i jakości wystarczającej do analiz genomów jądrowych. Jednak z uwagi na degradację DNA, sekwencjonowanie genomów ze szczątków kopalnych jest bardzo trudne i kosztowne. Z tego względu pierwszym etapem projektu będzie optymalizacja metody umożliwiającej efektywne genotypowanie tysięcy polimorfizmów jądrowych u wielu okazów.

W ramach projektu planujemy badania trzech głównych zagadnień. Pierwszym z nich jest rekonstrukcja poglądowej historii populacji norników zwyczajnych (*M. arvalis*) i burych (*M. agrestis*) na Wyspach Brytyjskich. Historia ewolucyjna obydwu gatunków była intensywnie badana z wykorzystaniem mitochondrialnego DNA, jednak proces zasiedlenia Wysp Brytyjskich po ostatnim zlodowaczeniu nie został w pełni zrekonstruowany. W przypadku norników zwyczajnych dopiero niedawno dowiedziono jego naturalnej obecności na Wyspach, a w przypadku norników burych dane genetyczne sugerują co najmniej dwukrotną kolonizację Wysp i udział selekcji w kształtowaniu współczesnych populacji. Uzyskanie danych genomowych dla kilkudziesięciu osobników kopalnych i współczesnych pozwoli stwierdzić czy do zasiedlenia Wysp Brytyjskich dochodziło jedno- czy kilkukrotnie oraz jaki wpływ na formowanie się dzisiejszych populacji miała selekcja naturalna.

Drugim zagadnieniem będzie rekonstrukcja i porównanie odpowiedzi za zmiany klimatu czterech gatunków norników na obszarze Karpat Zachodnich. Do porównania wybraliśmy norniki zwyczajne, norniki północne (*M. oeconomus*), norniki wąskogłowe (*Lasiopodomys gregalis*) oraz nornicę rudą (*Clethrionomys glareolus*). Planujemy uzyskać sekwencje genomów dla co najmniej 50 okazów każdego z nich. Gatunki te zajmują spektrum nisz ekologicznych od zimnej i suchej stepotundry po lasy strefy umiarkowanej. Przewidujemy więc, że analizując okazy z późnego glacia i wczesnego holocenu, w których miało miejsce szereg głębokich zmian klimatu i środowiska, zaobserwujemy cały wachlarz reakcji takich jak zmiany zasięgu, adaptacje czy lokalne wymierania.

Planujemy też poszerzyć i uszczegółwić istniejące dane na temat warunków środowiska panujących w poszczególnych okresach na badanym obszarze poprzez analizy metagenomiczne osadów jaskiniowych. Analizy takie uzupełniają rekonstrukcje szaty roślinnej oparte na analizach pyłkowych, a wstępne dane uzyskane przez Kierownika wskazują, że mogą być one z powodzeniem stosowane dla osadów jaskiniowych.

Połączenie analizy genomów gatunków o różnych przystosowaniach z dokładną informacją dotyczącą zmian warunków środowiska w czasie pozwoli określić, które czynniki miały największy wpływ na badane gatunki. Proponowany projekt nie tylko pozwoli stwierdzić, jakie były reakcje populacji na konkretne zmiany klimatu, daje też możliwość lepszego zrozumienia mechanizmów tych reakcji.